

**SINIKETTUJEN REHUNKÄYTÖN JA KOON VALINTA
PAINOINDEKSIIN AVULLA**

Sini Viksten
Maisterintutkielma
Helsingin yliopisto
Maataloustieteiden osasto
Kotieläinten jalostustiede
toukokuu 2018

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Laitos — Institution — Department Maataloustieteiden osasto	
Tekijä — Författare — Author Sini Viksten			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Sinikettujen rehunkäytön ja koon valinta painoindeksin avulla			
Oppiaine — Läroämne — Subject Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji — Arbetets art — Level Maisterintutkielma		Aika — Datum — Month and year toukokuu 2018	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 60 s.
<p>Tiivistelmä — Referat — Abstract</p> <p>Turkistuotannon tavoitteena on hyvälaatuinen nahka, johon pyrkiminen on suosinut samalla isoa ja ylipainoista eläintä. Ylipainosta aiheutuu ongelmia eläinten terveyteen, hedelmällisyyteen, hyvinvointiin ja tuotannon imagoon. Lihavat eläimet lisäävät myös rehukustannusta. Pitkä ja solakka eläin olisi taloudellisempi tavoite.</p> <p>Siniketuille on olemassa subjektiivinen viisiportainen kuntoluokitus (kl), mutta tämän tutkielman tavoitteena on kehittää tarkkoihin mittoihin eli pituuteen ja painoon perustuva painoindeksi. Lisäksi tavoitteena on tutkia pituuden, päiväkasvun ja kehitetyn painoindeksin perinnöllistä vaihtelua ja niiden yhteyttä rehunkulutukseen. Rehunkulutusta tutkittiin eläin- ja eläinpari- eli häkkitasolla. Aineisto oli peräisin MTT:n SOLAKKA-kokeesta vuosilta 2005-2006.</p> <p>Painoindeksi on painon suhde pituuden mukaan lasketulle normaalipainolle (kl 3 ja 4). Urosten ja naaraiden välinen ero otettiin huomioon laskemalla indeksin parametrit erikseen sukupuolille.</p> <p>Painoindeksin avulla määritettiin normaalikokoisten eläinten pituuteen perustuva rehuntarve. Kun mitatusta syönnistä vähennettiin tarvesyönti, saatiin residuaalisyönti. Tämä laskettiin häkkipareille (summa-RFI).</p> <p>Geneettiset analyysit tehtiin R-ohjelman MCMCglmm-paketilla, joka perustuu bayeslaisiin tilastollisiin menetelmiin. Pituuden periytymisasteet vaihtelivat 0,43-0,66, päiväkasvun 0,72-0,83 ja painoindeksin 0,66-0,72. Kuiva-ainesyönnin periytymisasteet vaihtelivat 0,71-0,85 ja summa-RFI:n 0,43-0,48.</p> <p>Summa-RFI:n ja päiväkasvun sekä painoindeksin välillä oli korkea positiivinen korrelaatio (0,60-0,63), joten kumpaa tahansa pienentämällä paransi rehunkäyttökyky. Painoindeksin valinnalla ei ole vaikutusta pituuteen, mutta päiväkasvun ja pituuden välinen geneettinen korrelaatio oli 0,42.</p> <p>Sinikettujen lihavuusongelmaan tulee puuttua valintaa muuttamalla ja painoindeksi vaikuttaa hyvältä työkalulta siihen. Sen käytön seurauksia tulee kuitenkin tarkkailla. Painoindeksin käytön validointi vaatii sen ja ruhojen rasvaisuuden yhteyden määrittämisen. Valintaohjelman toteutuksessa tarvitaan kaikkien valintakandidaattiyksilöiden painon ja pituuden mittaamista.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords kotieläinjalostus, sinikettu, lihavuus, painoindeksi, pituus, päiväkasvu, rehunkulutus, perinnöllinen vaihtelu			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Maataloustieteiden osasto ja Viikin kampuskirjasto			
Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information Työtä ohjasi professori Asko Mäki-Tanila ja tutkimusjohtaja Jussi Peura			

HELSINGIN YLIOPISTO — HELSINGFORS UNIVERSITET — UNIVERSITY OF HELSINKI

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Laitos — Institution — Department Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author Sini Viksten			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Selection of feed intake and animal size by body mass index in Finnish blue fox			
Oppiaine — Läroämne — Subject Animal breeding science			
Työn laji — Arbetets art — Level Master's thesis		Aika — Datum — Month and year May 2018	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 60 p.
<p>Tiivistelmä — Referat — Abstract</p> <p>The aim of the fur production is a high-quality pelt. Selection on pelt size has lead to heavy and possibly obese animals. The obesity can impair animals' health, fertility, welfare and also damage the image of production. Fat animals are most likely increasing feed consumption and subsequent feed costs. A long and lean animal is an economical aim.</p> <p>Blue fox already has a subjective 5-level body score index (BSC), but the aim of this study was to develop a body mass index (BMI) which contains easily measured traits: length and weight. We also wanted to quantify the genetic variation of animals' length, daily gain and BMI and their relation to feed consumption. The data was from MTT's SOLAKKA experiment (2005-2006) where animals were raised in cages occupied by a pair of individuals. The feed consumption was analyzed at an individual- and cage-level.</p> <p>The BMI was developed using the data from the normal sized animals (BSC 3 and 4). The BMI parameters were calculated separately for males and females, because of their weight difference.</p> <p>Using the BMI we could determine with the length of normal sized animals' their required amount of feed. Further, we could calculate the joint feed requirement for a cage pair. The residual feed intake (RFI) was the difference between measured and predicted feed intake. The summed RFI was used for a cage pair.</p> <p>The genetic analyses were performed with R program MCMCglmm package which is based on Bayesian inference. Heritability of length varied 0.43-0.66, heritability of daily gain 0.72-0.83 and heritability of BMI 0.66-0.72. Heritability of dry matter intake was 0.71-0.85 and that of sum-RFI 0.43-0.48.</p> <p>The genetic correlation between sum-RFI and daily gain or BMI was high (0.60-0.63), hence selection on either trait would reduce also RFI. The selection on BMI would not affect length, while there was genetic correlation 0.42 between daily gain and length.</p> <p>The obesity problem of blue fox must be intervened and the BMI seems to be good tool for that. The consequences of its use must still be monitored.</p>			
<p>Avainsanat — Nyckelord — Keywords</p> <p>animal breeding, blue fox, obesity, body mass index, length, daily gain, feed consumption, genetic variation</p>			
<p>Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited</p> <p>Department of Agricultural Sciences and Viikki Campus Library</p>			
<p>Muita tietoja — Övriga uppgifter — Further information</p> <p>Supervisors: Professor Asko Mäki-Tanila and research director Jussi Peura</p>			

Sisällys

LYHENTEET JA SYMBOLIT	6
1 JOHDANTO	7
2 SINIKETTUJEN KOON TAUSTAN JA PERIMÄN TARKASTELUA	8
2.1 SOLAKKA-aineisto	9
2.2 Gradeerauskoko ja lihavuus	9
2.3 Paino	10
2.4 Hedelmällisyys ja lihavuus	12
2.5 Syönti	14
2.6 Rehustus	15
2.7 Painoindeksi	16
2.8 Yhteenveto	17
3 TAVOITTEET	19
4 AINEISTO JA MENETELMÄT	19
4.1 Aineisto ja sen muokkaus	19
4.1.1 Koko-ominaisuuksien geneettisten analyysien aineisto	21
4.1.2 Eläinten kuluttaman rehumäärän geneettisten analyysien aineisto	21
4.1.3 Sukulaisuusaineiston käsittely	22
4.2 Painoindeksin kehittäminen	22
4.3 Ominaisuuksien vaihtelun analyysi ja tilastolliset mallit	25
4.3.1 Koko-ominaisuuksien mallit	26
4.3.2 Rehunkulutuksen tilastolliset mallit	27
5 TULOKSET	29
5.1 Painoindeksi	31
5.2 Kiinteät tekijät	34
5.3 Koko-ominaisuuksien geneettisten analyysien tulokset	36
5.3.1 Pituus	37
5.3.2 Päiväkasvu	38
5.3.3 Painoindeksi	40
5.4 Rehunkulutuksen geneettisten analyysien tulokset	41
5.4.1 Päiväsyönti	41
5.4.2 RFI	43
6 TULOSTEN TARKASTELU	46
6.1 Aineistot	46
6.2 Menetelmät	46
6.3 Painoindeksi	47

6.4 Tilastolliset mallit.....	48
6.4.1 Koko-ominaisuuksien mallit	48
6.4.2 Rehunkulutuksen mallit	49
6.5 Koko-ominaisuuksien geneettiset analyysit	50
6.5.1 Pituus.....	51
6.5.2 Päiväkasvu	52
6.5.3 Painoindeksi	52
6.6 Rehunkulutuksen geneettiset analyysit.....	52
6.6.1 Päiväsyönti	53
6.6.2 RFI	54
7 JOHTOPÄÄTÖKSET	55
8 KIITOKSET	56
LÄHTEET.....	57
LIITE A. Painoindeksin lausekkeen johtaminen	59

LYHENTEET JA SYMBOLIT

BMI	body mass index, painoindeksi
DEXA	röntgenin avulla tehtävä kehon koostumuksen määrittäminen
DMI	dry matter intake, kuiva-ainesyöinti
ESS	effective sample size, riippumattomien havaintojen määrä
FE	rehuhyötysuhde, kertynyt massa per kuiva-ainesyöinti
FEL	vieroitettujen määrä (Koivula ym. 2009)
h^2	periytymisaste
ID	identti
LS	Least square, pienimmän neliösumman poikkeama
MCMCglmm	Markovin ketju Monte Carlo -menetelmä yleistetyille lineaarisille sekamalleille
PREG	tiine eläin (Koivula ym. 2009)
R^2	selitysaste
RFI	residual feed intake, jäännösyöinti, voi olla negatiivinen

1 JOHDANTO

Sinikettu on naalin sininen värimuoto, joka säilyttää tumman värinsä läpi vuoden. Tarhattu sinikettu on sukua tummalle Alaskan siniketulle ja vaaleammalle arktiselle siniketulle, mutta jalostuksen johdosta sen turkki muistuttaa nykyisin enemmän arktista tyyppiä (Nikula, 2000).

Suomi on yksi johtavista sinikettunahkojen tuottajamaista. Vuoden 2013 arvion mukaan joka toinen sinikettunahka maailmassa on tuotettu Suomessa (Peura, 2013), minkä jälkeen Kiinan sinikettujen tuotanto on noussut huomattavasti. Suomen turkistuotanto eroaa maan muusta kotieläintuotannosta sillä, ettei se ole investointeja lukuun ottamatta maataloustukipolitiikan piirissä. Tuotanto on siis altis suhdannevaihteluille ja tuotto tulee vain myydyistä nahoista ja mahdollisesti elävänä myytävistä jalostuseläimistä. Suomen Turkiseläinten Kasvattajain Liiton (STKL) ProFurin (2016) mukaan myyntikautena 2014-2015 sinikettunahasta maksettiin keskimäärin 123 euroa, kun taas 2012-2013 kausi oli huomattavasti parempi 189 euron keskimääräisellä hinnalla.

ProFurin (2016) mukaan vuonna 2015 Suomessa oli 931 liittoon kuuluvaa turkistilaa, jotka pääosin sijaitsevat Pohjanmaan maakunnissa. Näistä 731 tilalla oli sinikettuja. Tilastosta näkee myös, kuinka liiton jäsenturkistilojen määrä on muuttunut vuosien aikana. Enimmillään tiloja on ollut 80-luvulla (yli 5000 kpl), mutta 90-luvun aikana ja sen jälkeen niiden määrä on laskenut alle tuhanteen. Yleisimmät yhtiömuodot ovat osakeyhtiö (584 tilaa) ja toiminimi (123 tilaa) (ProFur 2016).

ProFurin (2016) tilastosta nähdään, että sinikettuja kasvattavien tilojen (731 kpl) kokojakauma on laaja. Tiloista suurin osa (312 kpl) menee haarukkaan 1001-3000 eläintä, mutta ääripäissä on 30 kpl alle sadan ketun tilaa ja 5 kpl yli 25 000 eläimen tilaa. Tilojen keskipokokona on 2139 tuotettua nahkaa per tila.

Maailmalla on kysyntää laadukkaille turkistuotteille, minkä takia tarjonnan takaamiseksi on tärkeää panostaa suomalaisten sinikettujen jalostukseen. Jalostuksen avulla voidaan ylläpitää ja kasvattaa nahkojen laatua, parantaa eläinten terveyttä ja sitä myötä hyvinvointia sekä vähentää ympäristökuormitusta.

2 SINIKETTUJEN KOON TAUSTAN JA PERIMÄN TARKASTELUA

Sinikettu toimii fysiologisesti hyvin samalla tavalla kuin sen sukulainen luonnossa elävä naali. Talven lähestyessä siniketulla ja naalilla on tarve tuottaa paksu rasvakerros suojaamaan kylmyydeltä ja samalla valon määrän väheneminen laukaisee myös turkin valmistautumisen talveen. Turkki onkin parhaimmillaan loppusyksystä - alkutalveen, johon myös elävistä eläimistä tehtävä pisteytys eli gradeeraus ja nahkontakausi ajoittuvat (Hernesniemi ja Knutar, 2000).

Lihominen talvea varten on siis luonnollista, mutta siniketuilla lihavuus on tuottanut ongelmia jo muutaman vuosikymmenen ajan. Turkistuotannossa tuotto syntyy myydyistä nahoista. Nahkojen hintaan vaikuttaa eniten pituus, mutta myös laatu ja värin selkeys ja tummuus otetaan huomioon (Peura ym., 2013). Hinnoittelu on johtanut siihen, että nahkojen kokoa on pyritty jalostamaan suuremmaksi ja siinä onkin onnistuttu, sillä useat tutkimukset mainitsevat nahkojen koon kasvaneen (mm. Peura, 2013 ja Koivula ym., 2009). Peura ym. (2007) kertovat keskimääräisen nahkojen koon kasvaneen huomattavasti 10-15 vuoden aikana. Nahkojen koon kasvua kuvaa se, että alkuperäiseen pituusluokitteluun (luokat 0, 1, 2, 3 ja 20) on jouduttu lisäämään luokat 30 (vuonna 1988), 40 (1997) ja 50 (1999) (Peura ym., 2007). Luokittelun pituusrajat on havainnollistettu taulukossa 1.

Taulukko 1. Huutokauppaa varten luokiteltujen sinikettujen nahkojen luokkakohtaiset pituudet. (Peura ym., 2007)

Luokka	Nahan pituus (cm)
3	70.1-79.0
2	79.1-88.0
1	88.1-97.0
0	97.1-106.0
20	106.1-115.0
30	115.1-124.0
40	124.1-133.0
50	>133.0

2.1 SOLAKKA-aineisto

Vuosina 2005-2006 toteutettiin MTT:n (nykyisen Luken) Kannuksen koeasemalla sinikettujen kasvu- ja ruokintakoe. Kokeessa kerättiin tietoa ketuista häkkikohtaisen rehunkulutuksen, eläinten painokehityksen, elävien eläinten ulkoisten ominaisuuksien, kuten puhtauden, silmien, jalkojen ja liikkumisen pisteytyksen sekä gradeeraustulosten osalta. Tämän aineistokeruun pohjalta on tehty useampia tutkimuksia, kuten tässäkin tutkielmassa lähteenä ollut SOLAKKA-koe (Kempe ym. 2008, Kempe ym. 2009 ja Kempe ym. 2010).

SOLAKKA-kokeen ketut olivat syntyneet molempina vuosina toukokuun 6:n ja kesäkuun 19:n välisenä aikana, ja itse koekausi aloitettiin molempina vuosina 15. elokuuta. Vuonna 2006 syntyneiden pentujen vanhemmiksi poimittiin sattumanvaraisesti vuoden 2005 eläimiä, jolloin pyrittiin välttämään fenotyypin mukaista valintaa ja sen vaikutusta tuloksiin.

Eläimet sijoitettiin täyssisäpareittain häkkeihin uros-uros -, naaras-naaras - ja uros-naaras -pareina ja ne punnittiin kokeen alussa ja sen jälkeen kolmen viikon välein marras-joulukuussa tehtyyn gradeeraukseen saakka. Gradeerauksen yhteydessä eläinten pituus mitattiin kuonon kärjestä hännän tyveen.

Ruokinta tapahtui kerran päivässä ja rehuarvot ja rehun kuiva-ainepitoisuus määritettiin säännöllisesti. Häkkikohtainen rehunkulutus kirjattiin ylös. Ruokintaa säädeltiin tilatasolla niin, että jos yli 10% ketuista jätti rehua syömättä, vähennettiin kaikilta 20% rehua, ja jos kaikki rehu syötiin, nostettiin rehuannosta 20%.

Eläimille oli saatavilla sukupuutiedot, jotka sisälsivät yhteensä 21 296 eläintä.

2.2 Gradeerauskoko ja lihavuus

Gradeerauskoko on arvioijan yleiskäsitys eläimestä. Se muodostuu pituuden, painon ja lihavuuden perusteella (Kempe ym., 2008). Arvioijan subjektiivinen käsitys vaikuttaa siihen, millaisen arvosanan eläin saa käytetyltä pisteytysasteikolta 1-5. Nahan koon kannalta on pidetty toivottavana, että gradeerauskoko olisi mahdollisimman korkea. On huomattu, että gradeerauksessa lihavammat eläimet saavat keskimääräistä parempia

pisteytyksiä, jolloin ne ovat saaneet myös parempia jalostusarvoja koostaan (Koivula ym., 2009).

Kempe ym. (2009) kehittivät siniketuille kuntoluokituksen auttamaan eläinten koon ja lihavuuden arviointia asteikolla 1-5. Kuntoluokituksessa eläimet olivat yleensä luokiteltu luokkiin 4 ja 5. Laihimmillaan eläimet olivat vieroituksen lähestyessä tai kiima-ajan alkaessa, jolloin niitä oli tilapäisesti jopa alimmassa kuntoluokassa 1. Pyrkimyksenä pidettiin, että jalostuseläimet olisivat vuodenajasta riippumatta kuntoluokissa 2-4 (Kempe ym., 2009). Eläinten siirtymistä kuntoluokkien välillä voidaan todennäköisesti selittää vuodenaikojen vaihtelulla ja eläinten energian kulutuksella. Joutilaana olevat eläimet tarvitsevat vähemmän energiaa ylläpitoon kuin esimerkiksi imettävät naaraat, jotka voivat joutua käyttämään ruumiin energiavarastoja, mikäli rehusta saatava energia ei riitä maidon tuottamiseen. Tämä ”lihoista lypsäminen” tunnetaan muillakin eläinlajeilla kuten sialla ja naudalla (Strathe ym., 2017, Zachut ja Moallem, 2017).

Kempe ym. (2010) tutkivat kuntoluokitustulosten korrelaatioita muihin ominaisuuksiin ja laskivat gradeerauskoon ja kuntoluokan välille 0.57 geneettisen korrelaation. Kuntoluokan ja päiväkasvun välille geneettinen korrelaatio oli 0.85. Tästä voidaan päätellä, että valittaessa isompaa gradeerauskokoa nousee samalla kuntoluokka ja sen myötä todennäköisesti myös lihavuus. He määrittivät myös päiväkasvun ja kuiva-ainesyönnin (DMI) välille fenotyyppisen korrelaation 0.73. Tällöin päätelmä oli, että gradeerauskokoa valittaessa kasvaa kuntoluokka ja päiväkasvu ja päiväkasvun myötä kasvaa kuiva-ainesyönti. Kempe ym. (2010) eivät löytäneet näyttöä siitä, että lihavat eläimet olisivat käyttäneet rehua tehokkaammin hyödyksi vaan ne olivat yksinkertaisesti syöneet enemmän kuin laihemmat eläimet. He totesivat myös, että kuiva-ainesyönnin kasvaessa ruokintakulujenkin voidaan odottaa kasvavan.

2.3 Paino

Sinikettujen painot ovat nousseet sitä mukaa kun on valittu isompaa gradeerauskokoa. Nykyään ketut alkavat olla melko painavia. Jo vuonna 2002 Gugolek ym. totesivat, että heidän kokeensa ketut kuuluivat suomalaiseen tyyppiin, mikä heidän mukaansa selitti niiden verrattain suurta painoa.

Kempe ym. (2008) ja Shirali ym. (2015) selvittivät tutkimuksissaan turkiseläinten painojen geneettistä vaihtelua. Kempe ym. (2008) käyttivät tutkimuksessaan SOLAKKA-kokeen sinikettuja ja Shirali ym. (2015) tekivät tutkimuksen minkeillä. Minkeillä tulokset laskettiin erikseen uroksille ja naaraille.

Minkit punnittiin 21 päivän välein 63 päivän iästä 210 päivän ikään asti, eli pystyttiin määrittämään kasvukauden eri vaiheista kahdeksan erillistä periytymisastetta. Siniketuilla eläimet punnittiin kuusi kertaa kokeen aikana, mutta painot ilmoitettiin syyskuulta, lokakuulta ja kokeen lopulta.

Taulukko 2. Yhteenveto Kempe ym. (2008) ja Shirali ym. (2015) kokeiden painon periytymisasteista (h^2). Minkkikokeen tulokset on skaalattu vertailun helpottamiseksi vastaamaan siniketun punnitusikää. Skaalauksesta ja tulosten ilmoittamisesta sukupuolittain johtuen minkin tulokset on esitetty lokakuun ja loppupainon vaihtelualueena.

Punnitusajankohta sinikettukoe/minkkikoe	Sinikettu, painon h^2 (Kempe ym., 2008)	Minkki, painon h^2 (Shirali ym., 2015)
elokuu / ikä 84 d	0.35	0.55
lokakuu / ikä 126-147 d	0.42	0.69-0.75
loppupaino / ikä 189-210 d	0.50	0.82-0.85

Taulukossa 2 on ilmoitettu molempien kokeiden tulokset. Painon periytymisasteet ovat hyvinkin korkeita. Tämä selittää tarhaajien tekemän fenotyypin valinnan tuloksena saatujen kettujen koon kasvun verrattain lyhyessä ajassa. Shirali ym. (2015) totesivat myös kasvun eri ajankohdille laskettujen periytymisasteiden vaihtelun perusteella, että eri ikäkausilla näyttäisi vaikuttavan eri geenit. Toisin sanoen kasvun alussa vaikuttavat geenit eivät ole enää samoja, jotka vaikuttavat loppupainon muodostumiseen. Paras valintatulos saataisiin silloin ottamalla huomioon loppupainon lisäksi kasvukauden aikaisia tuloksia (Shirali ym., 2015).

2.4 Hedelmällisyys ja lihavuus

Siniketuilla on kiima-aika kerran vuodessa keväällä ja paritus pyritään järjestämään maaliskuun loppupuolen ja huhtikuun alun välillä (Hernesniemi ja Knutar, 2000). Tiineys kestää 51-53 vuorokautta. Nykyään keinosiemennys on yleinen tapa saada eläimet tiineiksi, mutta erityisesti pienillä tiloilla saatetaan vielä käyttää astuvia uroksia (Hernesniemi ja Knutar, 2000). Siniketuilla syntyy keskimäärin 5.88 pentua per paritettu naaras (ProFur, 2016).

Kettujen koon nousulla on huomattu olevan negatiivisia vaikutuksia hedelmällisyyteen. Peura ym. (2007) mukaan koko on kasvanut 1990-luvun puolivälistä lähtien, mutta samalla naaraiden keskimääräinen pentuekoko on pienentynyt. Nyttemmin pentuekoon lasku on taittunut ja kääntynyt kasvuksi. Koivula ym. (2009) mukaan lisääntymisen onnistuminen on heikentynyt eläinkoon kasvaessa. Muutokset eivät selity sukusiitostaantumana koska Suomen sinikettujen efektiivinen populaatiokoko on pysynyt melko suurena, eikä sisäsiittoisuus ole ongelma, vaikka populaatio on käynyt läpi pienen pullonkaulailmiön 1990-luvun lopun huonon kannattavuuden aikana (Peura, 2013).

Hedelmällisyydestä huolehtiminen on tärkeää, sillä tilojen kannattavuus tulee myytyjen nahkojen määrästä. Mitä enemmän siitoseläin tuottaa pentuja, sitä enemmän saadaan nahkoja per siitoseläin ja sitä parempi on tilan kannattavuus (Lagerkvist ym., 1994). Lagerkvist ym. (1994) toteavat myös työn ja tuotantotilojen käytön tehostuvan emien pentumäärän noustessa. Saman pentumäärän saaminen pienemmällä siitoseläinmäärällä on kannattavampaa kuin ylläpitää isoa määrää naaraita, jotka riippumatta pentutuotannosta, pitää ruokkia. Myös Peura ym. (2016) laskivat tiinehtymättömyyden ja pentukuolleisuuden takia hedelmällisyysominaisuudet taloudellisesti arvokkaiksi erityisesti nuorten naaraiden kohdalla.

Koivula ym. (2009) mukaan sinikettujen hedelmällisyysominaisuuksien ja eläimen koon välillä on negatiivisen yhteys. Tässä tutkimuksessa eläimiltä on rekisteröity joko- tai – ominaisuuksina tiineys (PREG) ja elävien jälkeläisten tuottaminen (FEL) tavoitteena selvittää tyhjien eli mahojen naaraiden osuus. Mikäli naaraan havaittu tiineys (PREG=1) on mennyt kesken tai pennut ovat kuolleet heti penikoinnin jälkeen, saa FEL arvon 0. Mikäli naaras onnistuu tuottamaan eläviä pentuja, saa se molemmista arvoksi 1. Myös pentuekoko on kirjattu.

Taulukossa 3 on koottu Koivulan ym. (2009) tutkimuksen geneettisten korrelaatioiden tuloksia. Korrelaatioiden mukaan eläimen koon kasvaessa pentuekoko pienenee ja pentukuolleisuus yleistyy. Koon ja tiinehtymisen välinen korrelaatio on käytännössä nolla. PREG:n ja FEL:n (0.53) sekä pentuekoon ja PREG:n (0.63) väliset korrelaatiot ovat melko suuria, mutta kuitenkin selkeästi alle 1 ja niitä voidaan pitää sen takia omina hedelmällisyysominaisuuksina (Koivula ym., 2009).

Taulukko 3. Hedelmällisyysominaisuuksien ja eläimen koon välisiä geneettisiä korrelaatioita (Koivula ym. 2009).

	geneettinen korrelaatio
Eläimen koko ja pentueen koko	-0.43
Eläimen koko ja tiinehtyvyys	-0.05
Eläimen koko ja vieroitettujen määrä	-0.27
Tiinehtyvyys ja vieroitettujen määrä	0.53
Pentueen koko ja tiinehtyvyys	0.63

Koivula ym. (2009) mukaan isot eläimet menettävät normaalikokoisia todennäköisemmin pennut tiineyden aikana, penikoinnin yhteydessä tai pian sen jälkeen. Heidän mukaansa keskittymällä valinnassa pentuekoon nostamiseen vähentyisi mahojen naaraiden esiintyminen ja samalla FEL parantuisi, vaikkei siihen kohdistettaisi erillistä valintaa. He kuitenkin suosittelivat FEL:n valintaa omana ominaisuutenaan. Samassa tutkimuksessa todetaan hedelmällisyysominaisuuksien olleen mukana jalostusohjelmassa kymmeniä vuosia, mutta eläinkoon kasvattamiseen keskittyminen on jättänyt ne sivuun epäsuotuisan korrelaation takia. Koivula ym. (2009) suosittelivatkin uusien hedelmällisyysominaisuuksien sisällyttämistä jalostusohjelmaan. Tällä hetkellä sekä FEL että PREG ovat jalostusohjelmassa mukana.

Lagerkvist ym. (1994) ovat jo aikaisemmin todenneet, että emän syyskuun painon ja pentukuolleisuuden välillä on negatiivinen geneettinen korrelaatio. He ovat myös laskeneet, että hedelmällisyysominaisuuksien parantaminen ei heikentäisi paljoakaan muita tuotanto-ominaisuuksia.

Peura ym. (2007) mukaan lihaviiden eläinten huomattava painonpudotus kiima-ajan kynnyksellä altistaa ne hedelmällisyysongelmille.

Huolimatta hedelmällisyysominaisuuksien taloudellisesta arvosta ja niiden selkeästä epäsuotuisasta yhteydestä eläimen kokoon, todetaan useassa tutkimuksessa eläinkoon ja nahan koon kasvaneen jatkuvasti. Tähän valinnan suuntaukseen tulisi puuttua.

2.5 Syönti

Puolet (49%) nahan tuotantokustannuksista syntyy rehusta (Peura ym., 2013). Viime vuosikymmeninä noussut kettujen koko ja lihavuus heijastuvat rehunkulutukseen ja sitä myötä rehukustannukset per tuotettu nahka ovat kasvaneet (Kempe ym., 2008). Suuren koon saavuttamiseksi eläimiä ruokitaan kasvukaudella lähes *ad libitum* eli lähes rajoittamattomasti, mistä syystä ne ovat helposti ylipainoisia tai jopa lihavia nahkonta-aikaan (Peura ym., 2007, Kempe ym., 2009).

Kempe ym. (2008) suosittivat, että päivittäinen rehunkulutus (daily feed intake, DFI), päiväkasvu (daily gain, DG) ja rehuhyötysuhde (feed efficiency, FE) huomioidaan jalostusohjelmassa. Heidän tutkimuksessaan FE:n (FE ajanjaksolla elokuu-lokakuu) periytymisaste on 0.26, mikä tarkoittaa kohtalaisesti periytyvää ominaisuutta ja sitä, että FE:n valinnalla voidaan saavuttaa geneettistä edistymistä. He toteavat, että kehittyvän ruokinta-automaation ja sitä myötä häkkikohtaisen rehumäärän seurannan sekä jalostuksella parannetun FE:n avulla rehunkulutus ja sen kustannukset pienenevät. Samalla vähenisi ruokinnasta aiheutuvat ravinnepäästöt. Toisaalta paremman FE:n valinta voi suosia nopeammin kasvavia ja painavia eläimiä ja sillä voi olla epäsuotuisia vaikutuksia pituuteen, koska FE:n ja pituuden välillä on -0.18 geneettinen korrelaatio (Kempe ym., 2008).

Rehunkäyttöön liittyy RFI (residual feed intake), joka kuvaa eläimen syömän rehumäärän poikkeamaa painon mukaan lasketusta tasosta. Shirali ym. (2015) ovat laskeneet minkeille painon periytymisasteiden lisäksi RFI:n periytymisasteita. Tulokset on laskettu erikseen uroksille ja naaraille ja saatujen periytymisasteiden erot on havainnollistettu taulukossa 4 sukupuolten vaihteluvälinä lokakuun ja loppupainon kohdalla. Shirali ym. (2015) mukaan uroksilla voitaisiin saada valinnalla parempia muutoksia kuin naarailla.

Taulukko 4. Minkillä tehdyn kokeen RFI:n periytymisaste kasvun eri vaiheissa (Shirali ym., 2015). Mittausajankohta on skaalattu vastaamaan SOLAKKA-kokeen mittausajankohtia.

Mittausajankohta	RFI:n h^2 vaihteluväli naaraiden ja urosten välillä
elo-syyskuu / ikä 105 d	0.18
lokakuu / ikä 126-147 d	0.31-0.43
loppusyönti / ikä 189-210 d	0.46-0.49

Shirali ym. (2015) mukaan kasvukauden eri vaiheissa saadut arvot ovat korreloituneita. Toisin sanoen kasvukauden alussa hyvän RFI-lukeman saanut eläin saisi sen myös lopussa. Mittausajankohtien tulosten välillä oli selkeitä erojakin, jotka viittasivat siihen, että eri kasvuvaiheiden aikaan eri geenit vastasivat rehuhyötysuhteesta. Tutkimuksessa suositettiin tekemään valintaa ottamalla huomioon tuloksia kasvukauden eri kohdista, mutta paras valintahyöty FE:n kannalta voitaisiin saavuttaa rasvantekokauden, eli talveen valmistavan kauden, aikana.

Rehuhyötysuhteeseen ja syöntiin panostaminen kannattaa, sillä näin saadaan paras tehokkuus rajallisista taloudellisista ja biologisista resursseista (Shirali ym., 2015). Tällä tavoin varojen tuhlaaminen vähentyisi.

2.6 Rehustus

Perimä vaikuttaa hyvin vahvasti sinikettujen kasvuun ja lihavuuteen, mutta myös rehulla on rooli. Suomessa on hyvin tiukat ympäristövaatimukset ja osaltaan nämä ovat vaikuttaneet rehun koostumuksen muuttumiseen kannustamalla vähentämään typen lähteenä olevaa proteiinia sekä fosforin määrää rehussa (Peura ym., 2007).

Peura ym. (2007) ottivat tutkimuksessaan huomioon myös rehun koostumuksen ja totesivat rasvan osuuden nousseen proteiinin laskiessa. Tutkimuksen mukaan vuosina 1992-2002 proteiinin osuus rehun metabolisesta energiasta on vähentynyt 0.11 %-yksikköä per vuosi ja hiilihydraattien osuus 0.37 %-yksikköä per vuosi. Vastaavasti rasvan osuus metabolisesta energiasta on kasvanut 0.50 %-yksikköä per vuosi. Siniketut

saavat siis nykyään rehussaan enemmän rasvaa kuin ennen. Niillä on samalla jalostuksen myötä vahvistunut kyky kasvaa kokoa ja lihoa.

2.7 Painoindeksi

Lihavuus kasvattaa nahan kokoa, mutta on aiheellista kysyä, onko kasvaneesta nahan pituudesta saatava lisähinta suurempi kuin kasvanut rehukustannus. Nahan mittaus tapahtuu automaattisesti koneella (Kempe ym., 2013), joten ihmisarvioijan oma mielikuva nahasta vaikuta pituuden mittaukseen. Laihemman eläimen nahasta jää siis enemmän voittoa kuin lihavamman eläimen nahasta. Lihavuus voi myös aiheuttaa ylimääräisiä kuluja terveys- ja hedelmällisyysongelmien kautta (Kempe ym., 2009, Koivula ym., 2009 ja Kempe ym., 2010). Lihavat eläimet ovat elinkeinolle myös imago-ongelma.

Siniketuille on jo olemassa Kempen ym. (2009) kehittämä kuntoluokitus, mutta se on harvaportainen asteikko ja luokittelijana toimii ihminen. Esimerkiksi rungon pituus voi vaikuttaa silmämääräiseen arvioon. Käyttämällä tiheämpiä asteikkoja ja ihmisestä riippumatonta mittaamista, saataisiin perinnöllinen vaihtelu paremmin esille ja valinta tuloksellisemmaksi. Tällainen tunnusluku voisi olla painoon ja elävän eläimen pituuteen perustuva painoindeksi samaan tapaan kuin ihmisellä käytetty Quetelet'n painoindeksi (body mass index, BMI) (Benn, 1971).

Benn'in (1971) mukaan hyvän lihavuutta kuvaavan painoindeksin tulisi olla vahvasti korreloitunut rasvan määrän kanssa ja sen jakauman pitäisi olla riippumaton pituudesta. Jotta indeksi olisi luotettava, tulisi se validoida käyttämällä vertailupohjana jotakin rasvan määrää kuvaavaa mittaria (Benn, 1971). Sioilla on sekä elävän että kuolleen eläimen rasvan määrän mittaamiseen käytetty ultraäänilaitteita (Carabús ym., 2016). Laitteet voivat olla kuitenkin hyvin kalliita ja akkujen keston ja kuvan hitaan muodostumisen takia epäkäytännöllisiä (Carabús ym., 2016). Turkistiloja ajatellen ultraäänilaitte ei ole mielekäs hankinta, sillä kalliin hinnan lisäksi sen käyttämiseen menisi runsaasti työaika, koska eläimiä on paljon ja akkuja joutuisi vaihtamaan kesken työskentelyn. Eläimen punnitus vaa'alla ja mittaus mittanauhalla olisi edullisempi ja nopeampi suoritus kuin rasvan ultraäänimääritys. Kempe ym. (2009) käyttivät kokeessaan rasvan ultraäänimääritystä 138 eläimelle ja mittauksista tapahtuma oli vaatinut kaksi ihmistä pitämään kettua paikallaan. Lisäksi turkkia oli täytynyt ajella, jotta ultraäänilaitteen kanssa

käytettävä geeli saatiin iholle ja kuva onnistuneeksi. Tuotantotiloja ajatellen kettujen turkin ajeleminen ei tule kysymykseen ja siksi ulkoisten ominaisuuksien perusteella saatavalle lihavuusmitalle olisi käyttöä.

Bennin (1971) mukaan yleisessä käytössä on kahden tyyppisiä lihavuuden mittoja:

- 1) *suhteellinen paino* on painon suhde standardipainoon, joka on laskettu pituuden mukaan erikseen sukupuolille tai eri ikäisille yksilöille.
- 2) indeksi, joka on paino jaettuna pituuden neliöllä tai kuutiolla tai muulla *potenssilla*, esimerkkinä ihmisillä käytettävä Quetelet'n indeksi paino/pituus^2 .

Eläimille on ennenkin yritetty muodostaa käyttökelpoista painoindeksiä. Jeusette ym. (2010) mukaan koirien painoindeksi saadaan kaavalla:

$\text{painoindeksi} = \text{paino (kg)} / (\text{korkeus lavan kohdalta (cm)} \times \text{pituus takaraivosta hännäntyveen (cm)})$.

Heidän tutkimuksessaan on metodeja kuvata koirien ruumiinkoostumusta ja kuntoluokituksen, painon ja painoindeksin vertailua DEXA-menetelmällä saatuihin tuloksiin. DEXA-menetelmässä hyödynnetään röntgensäteitä kehonkoostumuksen määrittämiseen ja sen avulla saadaan selville luiden ja pehmytkudosten koostumusta. Jeusette ym. (2010) kehittämän painoindeksin ja DEXA-menetelmällä mitatun rasvan välillä ei ole yhteyttä.

Siniketulle voisi yrittää laskea suhteellista painoa sekä muodostaa ihmisten painoindeksin kaltainen tunnusluku ja validoida niitä olemassa olevilla kuntoluokattiedoilla.

2.8 Yhteenveto

Nahan ja pentueen koko sekä nahan laatu ovat taloudellisesti tärkeimmät ominaisuudet suomalaisessa sinikettujalostuksessa (Peura ym., 2007). Jalostusarvostelu ei kuitenkaan ota huomioon turhaa rehunkulutusta ja hyvinvointiongelmia aiheuttavaa lihavuutta, vaikka molemmissa ominaisuuksissa on varmasti valintapotentialista kertovaa geneettistä vaihtelua. Kun turkin laatu on tärkein valintakriteeri, sen kanssa korreloituneet eläimen koko ja lihavuus tulevat epäsuorasti suosituiksi valinnassa. Lihavien eläinten

osuus seuraavassa polvessa nousee ja rehukustannukset tuotettua nahkaa kohden todennäköisesti kasvavat (Peura ym., 2007).

Eläinten lihavuustaipumukseen tulisi puuttua, sillä taloudellisten menetysten lisäksi sillä on vaikutusta eläinten hyvinvointiin. Kempe ym. (2010) tutkivat siniketuilla esiintyvää perinnöllistä jalkaheikkoutta, jonka oireita ylipaino voi pahentaa.

Kempe ym. (2010) mainitsevat, että Suomessa sinikettujen jalostusarvostelua tehdään vain tilatasolla, jolloin eläinten tuloksia verrataan kyseisen tilan keskiarvoon kussakin tuotanto-ominaisuudessa. Tosin vuodesta 2014 lähtien jalostusarvostelu on ollut valtakunnallista (Jussi Peura, henkilökohtainen kommentti). Koska siniketuilla käytetään keinosiemennystä, olisi mahdollista, että eläimiä myös arvostelun lisäksi valittaisiin valtakunnan tasolla. Tällöin voitaisiin saavuttaa suurempi valintahyöty. Myös Peura (2013) ehdotti väitöskirjassaan urosten keskitettyä valintaa. Suomessa ei kuitenkaan ole siniketuille samanlaista jalostus- ja siemenannosten keräisyysikköä kuin naudoilla ja sioilla. Keskitetty keinosiemennystoiminta saattaisi olla haastavaa sinikettujen lyhyen pariutumisaajan takia (Peura, 2013).

Kempe ym. (2013) mainitsivat, että nahkojen lajittelussa tehtävät pituuden sekä värin tummuuden ja selkeyden määritykset tapahtuvat automaattisen laitteen tekeminä ja dataa jalostusta varten olisi runsaasti tarjolla, mutta tätä tietoa ei kuitenkaan tallenneta minnekään. Tarkka pituustieto hukataan, sillä pituuden mittaamisen jälkeen kone luokittelee nahan huutokauppaa varten kahdeksaan luokkaan (taulukko 1, Peura ym., 2007). Näitä tarkkoja pituustietoja voisi alkaa kerätä ja jakaa kasvatustiloille sekä hyödyntää tulevaisuudessa keskitetyssä jalostusarvojen laskennassa.

Jotta lihavuuden yleistymiseen voitaisiin puuttua ja jo nyt esiintyvää lihavuutta vähentää, on tarvetta mittausmenetelmälle, jonka avulla voitaisiin eläinten ulkoisten mittojen: pituuden ja painon, avulla saada indikaattoriominaisuus tehokkaaseen valintaan. Yksi mahdollisuus on saada siniketuille painoindeksi, jonka käyttökelpoisuutta pyritään tässä tutkielmassa tarkastelemaan.

3 TAVOITTEET

Tutkielmalla oli useita tavoitteita:

- 1) kehittää siniketuille tuotanto-olosuhteisiin sopiva tapa laskea lihavuutta ilmaiseva painoindeksi.
- 2) tutkia eläinten kokoon liittyvien muuttujien; pituuden, päiväkasvun ja kehitetyn painoindeksin perinnöllistä vaihtelua.
- 3) selvittää näiden ominaisuuksien yhteyttä rehunkulutukseen ja rehuhyötysuhteeseen.

Tutkielman aineistona käytettiin SOLAKKA-kokeessa kerättyjä tietoja ja aineistojen muokkaukset ja tilastolliset analyysit tehtiin R-ohjelman avulla.

4 AINEISTO JA MENETELMÄT

4.1 Aineisto ja sen muokkaus

Tutkielmassa käytetty aineisto oli kerätty vuosina 2005 ja 2006 SOLAKKA-kokeessa, josta on kerrottu edellä kappaleessa 2.1. Kaikki tietojen käsittely ja analysointi tehtiin R-ohjelman (versiot 3.3.3 (2017-03-06), ”Another Canoe” ja 3.4.2 (2017-09-28), ”Short Summer”) RStudiolla.

Eläinten tietoja oli molemmilta vuosilta useammassa erillisessä tiedostossa, joista tarvittavien muuttujien lukemat koottiin yhteen tiedostoon tämän tutkielman analyysijä varten. Taulukossa 5 on listattuna SOLAKKA-aineistosta tässä tutkielmassa analysoidut ominaisuudet, ominaisuuksien lyhyt kuvaus ja ominaisuuden tietomäärät eläinten lukumäärinä. Yhteensä aineistossa oli 2036 eläintä, joista 1053 uroksia ja 983 naaraia.

Taulukko 5. SOLAKKA-aineiston eläinten määrä ja saatavilla olevat tiedot muuttujista ja tekijöistä, jotka olivat tilastollisissa analyyseissa.

Tekijä	Kuvaus	Eläinmäärä (max. 2036)
eläin	eläimen identti-numero (id)	2036
sukupuoli	sukupuoli uros/naaras	2036
paino	loppupaino (kg)	2028
pituus	elävän eläimen pituus (m)	1686
kuntoluokka	kuntoluokka (1-5)	2026
rasva	gradeerauksessa pisteytetty rasva (1-5)	1684
alkupaino	paino (kg) kokeen alussa 15. elokuuta	2033
kuiva-ainesyönti	eläinkohtainen kuiva- ainesyönti (g) ^a	2022
talo	varjotalot (1,2) tai halli ^b	1679
häkki	häkkinumero	1679
lopetuspvm	lopetuspäivämäärä	2028
syntymäpvm	syntymäpäivämäärä	2036
koepäivät	koepäivät; kokeen alku- gradeeraus, 90-121 päivää	2017
sukupuolipari	samassa häkissä olevien eläinten sukupuolet, MM, MF, FF ^c	2017

^a Eläinkohtainen syönti saatu jakamalla häkkikohtainen syönti puoliksi. ^b Halli koodattu numeroksi 50. ^c MM, uros-uro; MF, uros-naaras; FF, naaras-naaras.

Molempina vuosina eläinten alkupainot kirjattiin 15. elokuuta, mutta ruokintakoe alkoi 23. elokuuta vuonna 2005 (876 eläintä) ja 15. elokuuta vuonna 2006 (1160 eläintä). Eri aikaan alkaneet kokeet huomioitiin laskemalla eläinkohtainen kuiva-ainesyönti (g) päivää kohden, eli syönti jaettiin eläinkohtaisten koepäivien määrällä (g/d).

Eläinten ikä syntymästä gradeeraukseen vaihteli 156 päivästä 227 päivään ja keskiarvona oli 189 päivän ikä.

Eri tiedostoja yhdisteltäessä menetettiin jonkin verran eläintietoja, sillä vuoden 2005 eläinten identti oli pelkkä numerosarja, mutta vuoden 2006 eläimillä oli numeron alkuun liitetty sukupuoli (M/F) ja identtien muuntaminen yhteiseen, pelkkään numeromuotoon, tuotti joitakin duplikaatteja, jotka täytyi karsia pois.

Koska samat talot ja häkit olivat kumpanakin vuonna käytössä, kehitettiin häkkikoodi, jossa yhdistettiin vuosi, talo ja häkki, jolloin aineistossa samalla häkkikoodilla oli korkeintaan kaksi eläintä. Näin pystyttiin ottamaan geneettisissä analyyseissä huomioon eläinten yhteisen häkkiympäristön vaikutus fenotyypin vaihteluun. Häkkikoodeja tuli aineistoon 1679 eläimelle. Taulukossa 6 on eritelty häkkien sukupuoliparien lukumäärät koko kokeen ajalta.

Taulukko 6. Samassa häkissä olleiden eläinten sukupuoliparit ja niiden määrät.

uros-uros	uros-naaras	naaras-naaras	ei tietoa
570	942	505	19

4.1.1 Koko-ominaisuuksien geneettisten analyysien aineisto

Tässä tutkielmassa koko-ominaisuuksilla tarkoitetaan elävän eläimen pituutta, päiväkasvua ja kehitettyä painoindexiä.

Koko-ominaisuuksien geneettisiä analyysejä varten aineistosta poimittiin pelkästään ne eläimet, joista oli tieto niiden saman häkin parikumppanista. Toisin sanoen aineistoon poimittiin ne eläimet, joiden häkkikoodia esiintyi tasan kahdella eri eläimellä. Tällaisia pariin viittaavia koodeja löytyi 777 kappaletta, eli aineistoon valikoitui 1554 eläintä. 125 koodia esiintyi vain kerran eli kyseisten eläinten häkkien toinen eläin oli jossain vaiheessa koetta esimerkiksi kuollut. Koska geneettisten mallien ajoissa otettiin mukaan häkkiympäristön ja paritekijän vaikutus, oli tärkeää, että eläimistä oli häkkitieto.

4.1.2 Eläinten kuluttaman rehumäärän geneettisten analyysien aineisto

Eläinten syömän rehumäärän geneettisiä analyysejä varten tiedot olivat häkkikohtaisesti. Koko-ominaisuuksien aineistoon verrattuna syöntiaineisto oli pelkistetty, sillä siinä oli

saman häkin kummankin eläimen omat painot ja pituudet ja yhteisinä tietoina talo, paritekijä, koepäivät, häkkikohtainen kuiva-ainesyönti, ikä, vuosi, häkkikoodi ja häkkikohtainen päiväsyönti.

Tässä vaiheessa huomattiin, että häkin eläimet saattoivat olla eri ikäisiä. 777 parista 765 parin ikätiedot olivat samat ja ne valittiin aineistoon. Vielä tämän jälkeen huomattiin ristiriitaisuuksia koepäivien määrässä ja paritekijöissä kolmen parin kohdalla ja ne poistettiin aineistosta. Lopullinen syöntiaineiston koko oli 762 paria.

4.1.3 Sukulaisuusaineiston käsittely

Alkuperäisessä sukulaisuusaineistossa oli 21 296 eläintä, joilla oli emä- ja isätiedon lisäksi muun muassa syntymäaika saatavilla. Geneettisten analyysien ajoja varten sukulaisuusaineistosta poimittiin eri fenotyyppiaineistoissa olevien eläinten vanhemmat ja edelleen saatavilla olevat varhaisemmat sukupuutiedot.

Isä- ja emätiedoissa ilmeni joitakin ristiriitaisuuksia, eli sama identtinumero (id) löytyi molemmista. Tämä ratkaistiin muuttamalla tällaisissa tapauksissa emän id tuntemattomaksi ja olettamalla, että isä oli merkitty oikein.

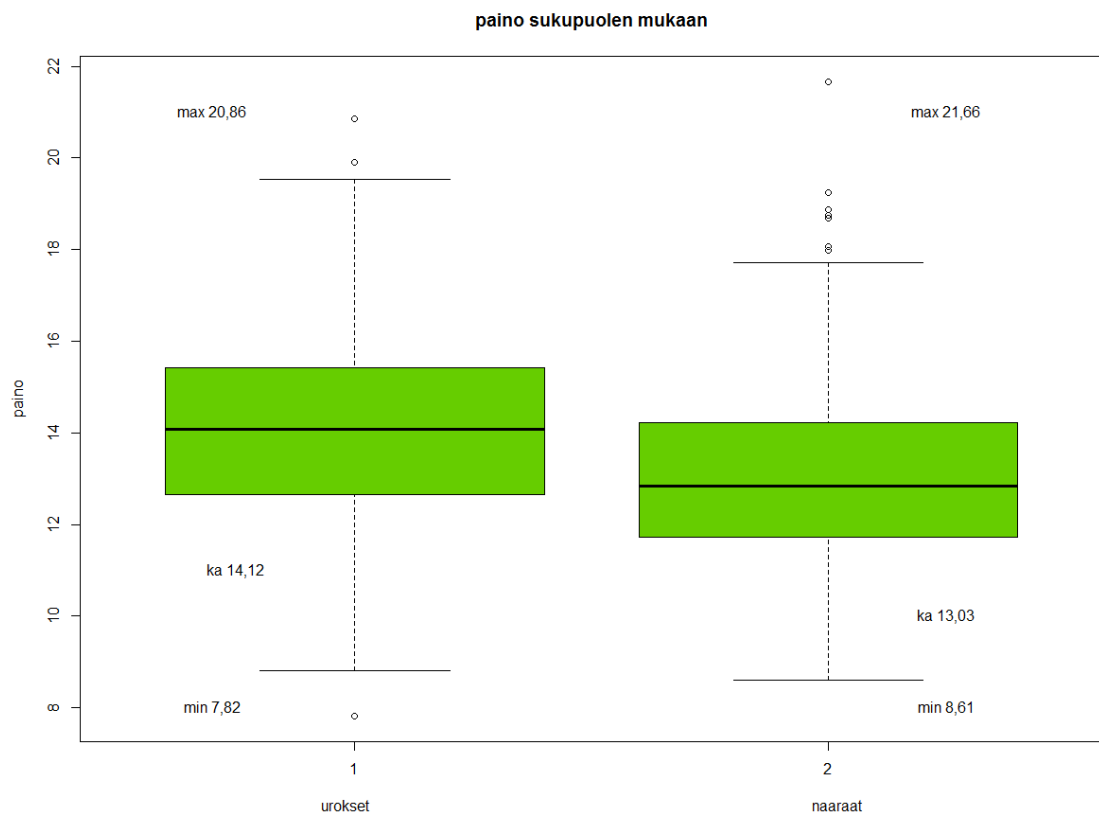
Ennen geneettistä analyysiä sukulaisuusdataa karsittiin kunkin aineiston kohdalla poistamalla fenotyyppiaineiston eläimiin liittymättömät sukulaiset (R-ohjelman MCMCglmm-paketin prunePed-komento). Koko-ominaisuuksien aineistoon liittyvässä sukulaisuusaineistossa oli karsinnan jälkeen 2156 eläintä ja syönnin aineistoon liittyvässä 2124 eläintä.

4.2 Painoindeksin kehittäminen

Siniketuille on olemassa jo Kempen ym. (2009) kehittämä kuntoluokitus, mutta sen heikkoutena on subjektiivisen arvioinnin lisäksi harvat luokat (1-5). Siksi tavoitteena on kehittää mitta, joka olisi objektiivinen eli tarkasti laskettavissa eläinkohtaisena arvona eläimen jonkin liukuvasti muuntelevan mittaustuloksen, esimerkiksi pituuden, pohjalta. Samalla luokittelun aiheuttama harvan asteikon ja subjektiivisuuden rajoitukset poistuisivat.

Painoindeksin kehittäminen tehtiin Benn'in (1971) tutkimuksen pohjalta. Tavoitteena oli luoda yli/alipainoa kuvaava mitta, joka on eläimen pituudesta riippumaton ja ilmaisee siten lihavuuden tai laihuuden samalla tavalla lyhyille ja pitkille eläimille. Eläimille pyrittiin siis ensin löytämään funktio, jonka avulla saadaan ennustettua pituuden perusteella normaali tai ihannepaino. Pelkkä erotus painon poikkeamalle ei toimisi, sillä pitkillä lihavilla eläimillä poikkeama on suurempi kuin lyhyillä. Esimerkiksi suhteellinen tai prosentuaalinen poikkeama eläimen ennustetusta ihannepainosta olisi käytännöllisempi, eikä mitassa olisi tällöin yksiköitä. Painoindeksin kehittelyyn oli tapahduttava logaritmisella asteikolla, koska sitä kautta suhteiden analysointi voitiin palauttaa lineaarisesti toimivalle asteikoille.

Ihannepainon määrittämisessä otettiin myös huomioon eläimen sukupuoli, sillä painoissa oli eroja sukupuolten välillä (kuva 1).



Kuva 1. Urosten ja naaraiden painon (kg) jakauma, keskiarvo ja keskihajonta.

Painon riippuvuutta pituudesta voidaan kuvata lineaarisella funktiolla. Sen takia pituutta (L) vastaava standardipaino (W_s) on tavallisella regressiolla

$$W_s(L) = W_0 + b (L - L_0) \quad (1)$$

missä L_0 on pituuden keskiarvo ja W_0 vakio. Ennakoiden painojen suhteiden tarkastelua muutetaan tämä logaritmiasteikolle ja saadaan likimääräisesti pituutta L vastaava standardipainon logaritmi pituuden logaritmin avulla $\log(L_0)$:n suhteen (Benn, 1971) (LIITE A)

$$\log(W_s(L)) \sim \log(W_0) + p (\log(L) - \log(L_0)), \quad (2)$$

$$\text{missä } p = \frac{b L_0}{W_0} \quad (3)$$

Kertaluokkaa $(\log(L) - \log(L_0))^2$ olevat termit voidaan sivuuttaa, sillä ne vaikuttavat korkeintaan prosentin (1%) verran standardipainoon.

Tämän mukaisesti

$$W_s(L) \sim L^p \frac{W_0}{L_0^p} \quad (4)$$

Kun käytettiin tätä approksimaatiota standardipainolle muodostettaessa suhteellinen paino, saadaan potenssimuotoinen indeksi $\frac{W}{L^p}$ kerrottuna vakiolla $\frac{L_0^p}{W_0}$. Vakio tekee painoindexistä mitta-asteikosta riippumattoman.

$$\frac{W}{W_s(L)} \sim \frac{W}{L^p} \frac{L_0^p}{W_0} \quad (5)$$

Lihavuus tai laihuus on näin painon suhteellinen poikkeama keskiarvosta kertaa pituuden suhteellinen poikkeama potenssiin p . Koska painojen ja pituuksien keskiarvot olivat erilaisia uroksille ja naaraille, piti lukemia p , W_0 ja L_0 vastaavat arvot laskea erikseen kummallekin sukupuolelle.

Standardipainoa lähdettiin kehittämään kuntoluokkien 3 ja 4 eläinten avulla. Käytännössä siis ajateltiin näiden eläinten edustavan normaalikokoisia ihanne-eläimiä. Ottamalla kehittämiseen mukaan kuntoluokan 4 eläimiä, annettiin standardoinnissa hieman ylipainoa anteeksi.

Kuntoluokkien 3 ja 4 eläinten avulla saatujen parametrien arvoilla laskettiin jokaiselle eläimelle sen pituuden ja sukupuolen mukainen ihannepaino. Jakamalla eläimen oikea paino sen ihannepainolla ja kertomalla sadalla (100), saatiin suhdeluku (tai prosenttiluku)

jonka ollessa yli 100 on eläin yli ihannepainonsa eli lihava tai alle 100, jolloin eläin on alle ihannepainonsa. Tämä suhdeluku on painoindeksi.

4.3 Ominaisuuksien vaihtelun analyysi ja tilastolliset mallit

Geneettisissä analyyseissä käytettiin bayesläistä analyysiä ja sen suorittamiseen R-ohjelman MCMCglmm-pakettia (Markov Chain Monte Carlo Generalized Linear Mixed Model) (Hadfield, 2010). Analyysi edellyttää, että vanhemmat ovat sukupuussa ennen jälkeläistä. Sukupuuaineisto järjestettiin ennen analyysejä käyttämällä R-ohjelmiston MasterBayes-paketin orderPed-komentoa.

MCMCglmm-paketti perustuu bayesläiseen päättelyyn ja Markovin ketju Monte Carlo -menetelmään yleistetyille lineaarisille sekamalleille (Villemereuil, 2012). Villemereuil'n (2012) katsauksessa kerrotaan paketin MCMCglmm-funktion toiminnasta ja käytöstä. MCMCglmm-funktio toimii todennäköisyyksiin perustuvalla algoritmilla, joka iteroi posteriorijakauman annetun priorijakauman ja aineiston pohjalta. Jokainen uusi posteriorijakauman arvo on luotu edellisen iteraatiokierroksen tuloksen pohjalta, joten tulosten välillä voi ilmetä autokorrelaatiota. Autokorrelaatio ei ole toivottua, sillä se pienentää posteriorijakauman tehollista kokoa (effective sample size, ESS) eli riippumattomien tulosten määrää. Riippuvuutta voidaan vähentää käyttämällä karsintaa eli ottamalla posteriorijakaumaan mukaan vain osa, esimerkiksi joka toinen tai sadas, iteroiduista arvoista (thinning interval) (Villemereuil, 2012). Tässä tutkielmassa käytettiin thinning interval -arvona 2.

Ennen kuin iteroinnista saatavat posteriorijakauman arvot asettuvat vaihteluvälilleen, analyysin alussa arvot voivat heitellä runsaasti tai ne ovat tasaantumisvaiheen arvoista poikkeavalla tasolla, eikä näitä arvoja ole siksi mielekäästä ottaa mukaan posteriorijakaumaan. Tätä alkuvaihetta kutsutaan burn-in:ksi. Tässä tutkielmassa käytettiin burn-in -kierrosten lukuna 10% kokonaiskierrosten määrästä. Eli jos kierroksia oli 30 000, niin burn-in -vaihe oli 3 000 kierrosta.

Priorijakauman tulisi olla mahdollisimman epäinformatiivinen, jotta se ei vaikuta posteriorijakauman arvoihin. Villemereuil (2012) toteaa, että mikäli tallennettavien posteriorijakauman arvojen määrä ((asetetut kierrokset – burn-in) / thinning interval) on hyvin suuri, muuttuu priorijakauman vaikutus merkityksettömäksi. Eli vaikka

jouduttaisiin käyttämään hieman informatiivistakin prioria, häviää sen vaikutus erittäin suurilla kierrosmäärillä.

Analyysiä voidaan pitää onnistuneena, kun posteriorijakaumasta muodostuu symmetrisesti (normaali)jakautunut ”kellokäyrä” (Villemereuil, 2012). Normaali-jakautuneisuuteen päästään, kun kierrosmäärä on suuri. Kierrosmäärä vaikuttaa myös ESS:ään, jonka tulisi olla vähintään 100 (Ismo Strandén, henkilökohtainen kommentti).

MCMCglmm-analyysille täytyy siis antaa lähtötiedoiksi priorijakauma, iteraatioiden ja burn-in:n määrät, thinning interval, fenotyyppi- ja sukulaisuusaineistot. Lisäksi sille annetaan tilastollisen mallin selittäviä kiinteitä (fixed) tekijöitä ja satunnaistekijöitä (random). Käytettävät kiinteät tekijät voidaan päättää ilman satunnaistekijöitä tehdyn varianssianalyysin (R:ään kuuluvan lineaarimallianalyysin lm) avulla. Valitsemalla satunnaistekijäksi eläin, saadaan laskettua tutkitulle ominaisuudelle additiivinen geneettinen varianssi σ_a^2 ja jäännösvarienssi σ_e^2 ja niiden avulla periytymisaste. Lisäämällä MCMCglmm-analyysiin komennon `pr = TRUE`, tallentaa analyysi jokaiselle satunnaistekijäksi valitulle muuttujalle sen alaluokkien vaikutusten arviot. Eläinten kohdalla puhutaan tällöin jalostusarvoestimaateista. Kiinteitä tekijöitä lisättäessä täytyy käyttää harkintaa, sillä jokainen kiinteä tekijä voi keinotekoisesti muuttaa periytymisastetta (Villemereuil, 2012).

Fenotyyppinen varianssi on $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$ ja periytymisaste (h^2) lasketaan kaavalla:

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$. Samalla periaatteella saadaan laskettua muunkin satunnaistekijäksi valitun muuttujan vaikutus fenotyyppiseen vaihteluun. Tuloksissa ilmoitetaan tarkan (keskiarvo) vaihtelun lisäksi 95-luottamusalue, joka kuvaa väliä, johon estimoitu parametri sijoittuu 95 % todennäköisyydellä tulevissakin estimoinneissa.

4.3.1 Koko-ominaisuuksien mallit

Varianssikomponenttien arviointi tehtiin eläinmallilla:

$$y_{ijk} = \mu + (\text{kiinteät tekijät}) + a_j + c_j + \varepsilon_{ijk},$$

jossa y on havaittu tutkittava ominaisuus, μ on keskiarvo, a additiivinen geneettinen vaikutus eli jalostusarvo $\sim N(0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$, jossa \mathbf{A} on sukulaisuusmatriisi, c yhteisen ympäristön vaikutus $\sim N(0, \mathbf{I}\sigma_c^2)$, jossa \mathbf{I} on diagonaalimatriisi ja σ_c^2 yhteisen ympäristön varianssi ja ε on jäännöspoikkeama $\sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, jossa σ_e^2 on jäännösvarienssi.

Kempe ym. (2009) käyttivät analyyseissään kiinteiden tekijöiden mallia:

$$y = \mu + \text{talo} + \text{sukupuoli} + \text{paritekiä} + \text{syntymäaika} + (\text{luokiteltu}) \text{ emän ikä} + \varepsilon, \quad (6)$$

Kempen ym. (2009) aineisto oli sama SOLAKKA-kokeen aineisto, johon tämä tutkielma pohjautuu. Selittävinä tekijöinä olivat talo, sukupuoli, häkin paritekiä (MM, MF, FF), syntymäaika, joka oli jaoteltu neljään luokkaan sen mukaan, monentenako päivänä eläin oli syntynyt vuoden alusta laskettuna ja emän ikä vuosina (kolmena luokkana).

Kempe ym. (2009) huomasivat, että nuorten naaraiden jälkeläiset saivat korkeampia kuntoluokitustuloksia, kuin vanhempien naaraiden jälkeläiset ja siksi emä oli mukana kiinteänä tekijänä.

Tässä tutkielmassa selvitettiin myös, kuinka samassa häkissä eläinten sukupuolet vaikuttavat eläimen painoon, pituuteen ja painoindeksiin. Toisin sanoen tutkittiin, onko sukupuolten erolla vaikutusta häkkiparin yksilöiden keskiseen paino-, pituus- ja painoindeksieroon.

Kempen ym. (2009) mallia käytettiin lähtökohtana tässä tutkielmassa käytettyjen mallien kehittämisessä.

4.3.2 Rehunkulutuksen tilastolliset mallit

Syönnin mallintamisesta teki haastavan se, että syöntitiedot oli kerätty häkkikohtaisesti, eli yhtä syöntitulosta selitti kaksi eläintä. Syöntiä mallinnettaessa keskityttiin aluksi päiväsyöntiin ja sitten RFI-mittaan (residual feed intake), joka on toteutuneen syönnin ja eläimen ennustetun rehuntarpeen välinen erotus.

Eläinkohtainen päiväsyönti oli laskettu jakamalla häkkikohtainen syönti kahtia ja jakamalla vielä tulos eläimen syönti- eli koepäivillä. Tällöin analyyseissä oli mukana vain toinen parin eläimistä, eli puolet (762 eläintä) syöntiaineiston 1524 eläimestä. Vastaavasti

häkkikohtaista päiväsyöntiä mallinnettaessa samanaikaisesti häkin molemmilla eläimillä analyyseissä oli mukana kaikki 1524 eläintä (762 paria).

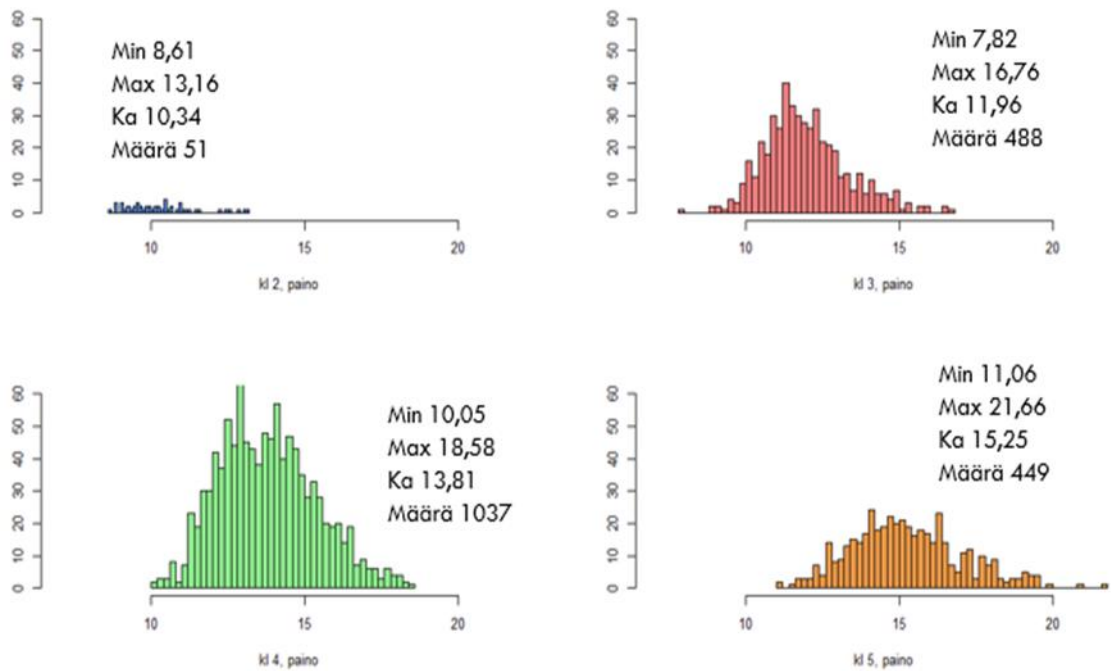
RFI:n laskemisessa käytettiin apuna jo laskettua painoindeksiä. Normaalin RFI:n omaavina pidettiin eläimiä, jotka sijoittuvat yhden keskihajonnan sisään ideaalisesta painoindeksiä arvosta ($100 \pm (0.5 * \text{painoindeksin keskihajonta})$). Näitä eläimiä käytettiin kuiva-ainesyönnin mallintamisessa, jossa tavoitteena oli selvittää eri pituisten eläimien ihannepainon saavuttamiseksi vaadittu rehumäärä. Kun tämä laskennallinen pituuden mukaan ennustettu rehunkulutus vähennettiin eläimen syömästä rehumäärästä, saatiin RFI-arvo. Jos arvo oli positiivinen, olivat eläimet syöneet enemmän kuin ne laskennallisesti olisivat tarvinneet ja vastaavasti negatiivisen RFI-arvon eläimet olivat syöneet vähemmän kuin laskennallinen tarve.

Samalla laskuperiaatteella voitiin määrittää häkkikohtainen RFI eli ns. summa-RFI. Summa-RFI:n laskeminen ja analysointi on jonkin verran mielekkäämpää kuin eläinkohtaisen RFI:n, sillä häkkikohtainen rehunkulutus on mitattu arvo, mutta eläinkohtainen syönti olettaa, että saman häkin eläimet ovat syöneet kulutetun häkkikohtaisen rehun tasan puoliksi.

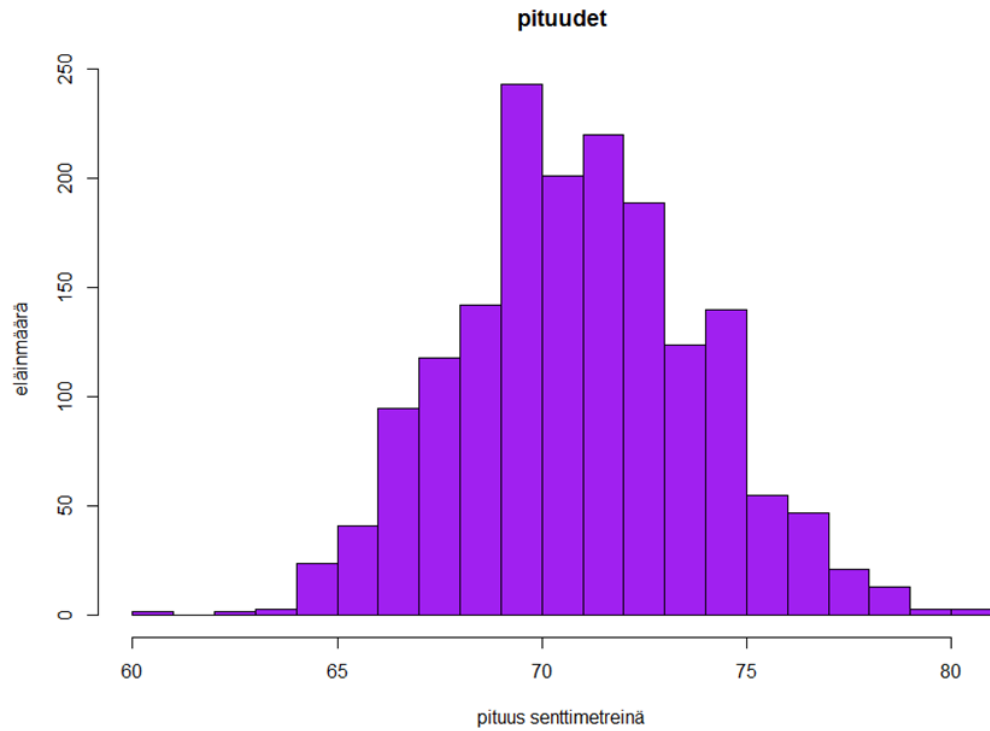
Rehunkulutuksen tilastollista analyysiä lähdettiin mallintamaan koko-ominaisuuksille käytetyn mallin pohjalta.

5 TULOKSET

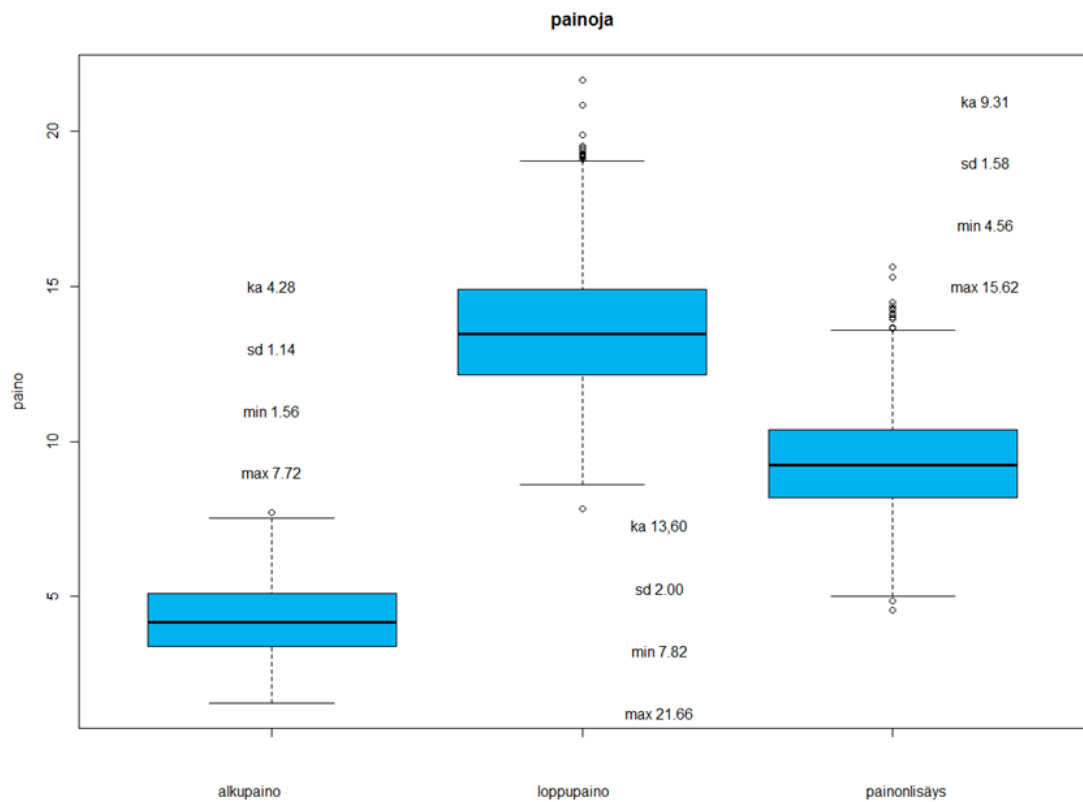
SOLAKKA-kokeen eläimistä saatujen perustietojen: kuntoluokan, pituuden ja painon jakaumat on havainnollistettu kuvilla 2, 3 ja 4.



Kuva 2. Kuntoluokittain eläinten painojen jakaumat, eläinten minimi-, maksimi- ja keskiarvopainot sekä eläinten lukumäärä (pysty akseli). Kuntoluokan 1 eläimiä oli vain yksi (9.62 kg) ja kuntoluokassa 2 oli eläimiä myös hyvin vähän (51 kpl).



Kuva 3. Aineiston eläinten pituuden (cm) jakauma. Keskiarvo 71.43 cm. (vrt. kuva 5 sukupuolieroista)



Kuva 4. Kokeessa olleiden eläinten alkupainon, loppupainon ja niiden erotuksena lasketun painonlisäyksen keskiarvo (ka), keskihajonta (sd) ja äärlukemat (min, max). Mittayksikkönä kg.

5.1 Painoindeksi

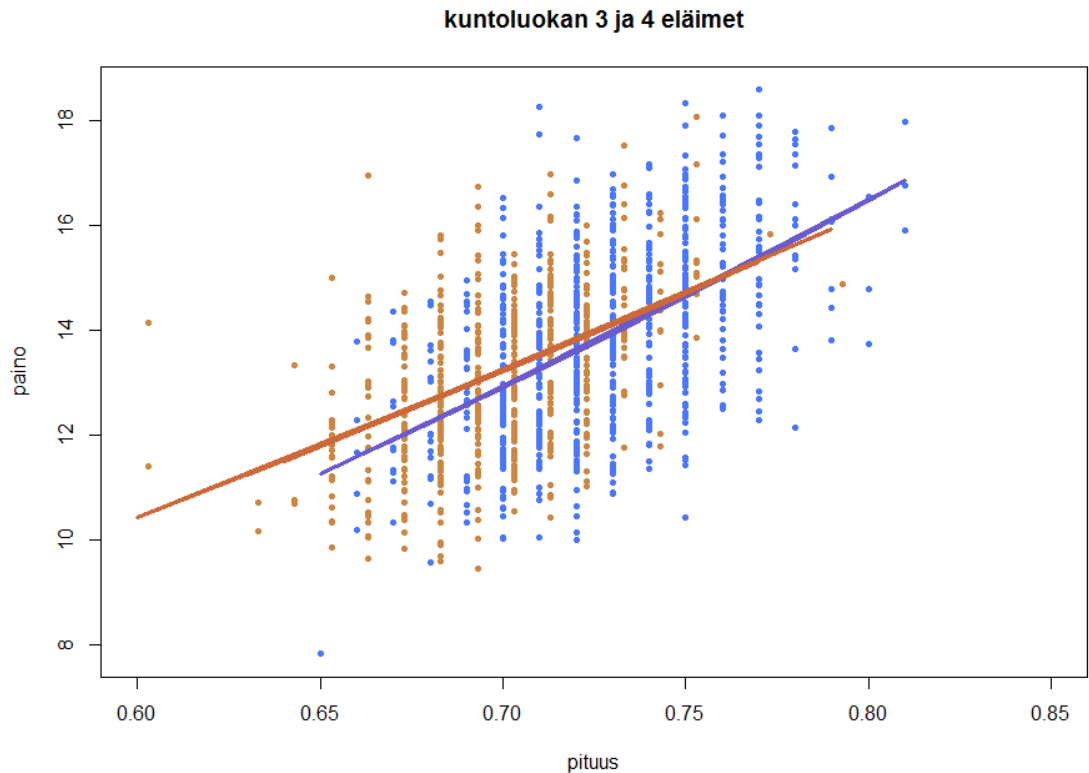
Painoindeksi kehitettiin laskemalla ensin kuntoluokan 3 ja 4 eläinten molemmille sukupuolille regressiomalli, jossa eläinten painon poikkeamaa keskiarvosta W_0 selitettiin eläimen pituuden poikkeamalla pituuden keskiarvosta L_0 .

Näissä kuntoluokissa oli uroksia 773 ja naaraita 752 kpl. Jokaiselle eläimelle laskettiin pituuden poikkeamat keskiarvosta, joka oli naaraseläimillä 0.69 m ja uroseläimillä 0.73 m. Mallista saadut parametrit (taulukko 7) vietiin kaavaan 4, jonka eksponentti p laskettiin kaavalla 3.

Taulukko 7. Painoindeksin sukupuolikohtaiset parametriarvot.

	keskipituus (m) <i>L₀</i>	keskipaino (kg) <i>W₀</i>	regressiokerroin <i>b</i>	eksponentti <i>p</i>
urokset	0.73	13.83	34.80	1.83
naaraat	0.69	13.06	28.92	1.54

Näin saatiin laskettua kaikille eläimille ideaalipaino normaalipainoisten eläimien avulla saatujen parametrien kautta. Kuvassa 5 on esitetty kaikki havainnot sekä eläinten ideaalipainon muutosta pituuden muuttuessa erikseen sukupuolille.

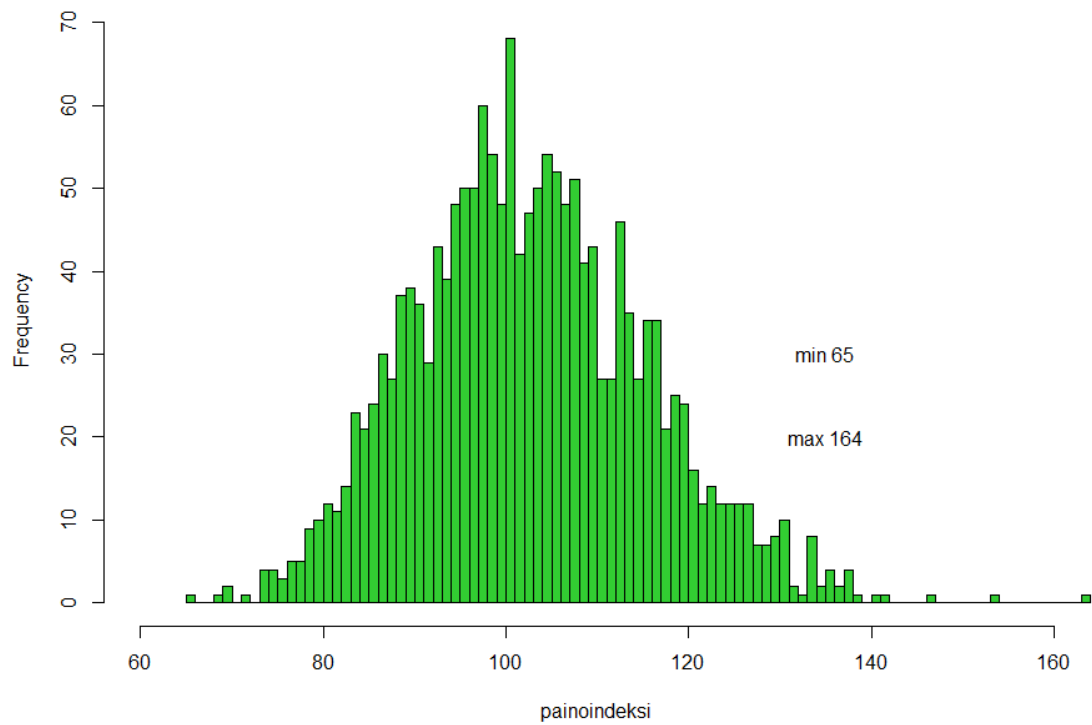


Kuva 5. Sinikettujen painon (kg) vaihtelun selittäminen pituus (m) regressiomuuttujana. Sininen viiva kuvaa ideaalipainon kasvua pituuden kasvaessa uroksilla ja ruskea viiva naarailla. Siniset pisteet merkitsevät uroksia ja ruskeat naaraita.

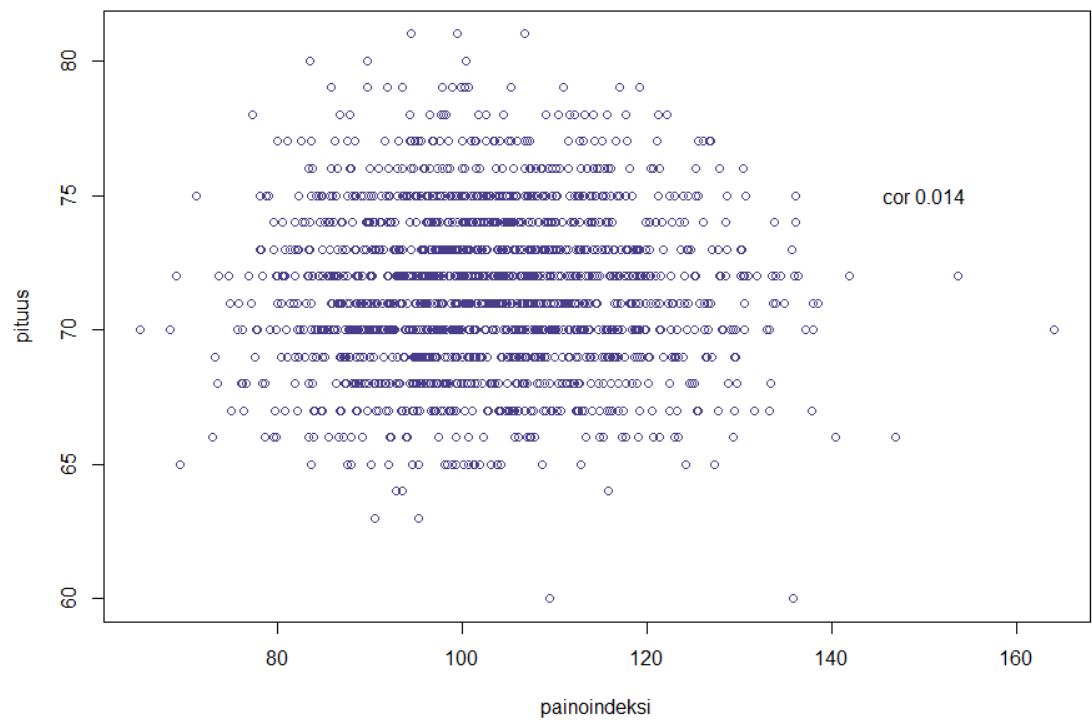
Nyt saatiin laskettua painon ja ideaalipainon suhde eli painoindeksi.

$$\text{painoindeksi} \sim 100 * \frac{\text{paino}}{\text{ideaalipaino}}$$

Kuvassa 6 on lasketun painoideksin jakauma niiden eläinten (1686 kpl) kesken, joille saatiin laskettua painoindeksi. Kuvassa 7 on kuvattu painoideksin ja pituuden (cm) yhteyttä.



Kuva 6. Sinikettujen painoindeksin jakauma. Pienin arvo on 65 ja suurin 164. Keskiarvo 102.6 ja keskihajonta 12.79.



Kuva 7. Sinikettujen painoindeksin ja pituuden (cm) välinen korrelaatio on käytännössä nolla (0.014).

5.2 Kiinteät tekijät

Ominaisuuksien vaihteluun otettavat kiinteät tekijät valittiin testaamalla ensin niiden merkitsevyys pelkkiä kiinteitä tekijöitä sisältävillä lineaarimalleilla. Kokoominaisuuksille käytettävää mallia alettiin kehittää aiemmin saman SOLAKKA-kokeen ketuilla käytetyn mallin (6) pohjalta. Tässä tutkielmassa kehitettiin vertailtavaksi malli, jossa emän iän vaikutusta ei ole huomioitu:

$$y = \mu + \text{vuosi} + \text{talo} + \text{pariteki} + \text{sukupuoli} + b \times \text{eläimen ikä} + \varepsilon, \quad (7)$$

jossa y on eläimen havainto, μ keskiarvo ja ε jäännösvirhe ja selittävinä tekijöinä vuosi (kaksi luokkaa), talo (talot 1,2 ja halli), saman häkin eläinparin sukupuolet eli pariteki (MM, MF, FF), eläimen sukupuoli ja regressiomuuttujana (b kerroin) ikä päivinä syntymästä gradeeraukseen. Tilastollisten analyysien tulokset ovat taulukoissa 8 ja 9.

Käytettäessä tätä mallia pituudelle, olivat kaikki kiinteät tekijät, paitsi pariteki, merkitseviä vähintään tasolla $p < 0.01$. Paritekiellä ei ollut vaikutusta pituuteen ($p > 0.1$).

Päiväkasvulla käytettäessä olivat kaikki kiinteät tekijät, paitsi vuosi, merkitseviä vähintään tasolla $p < 0.001$. Vuosi oli merkitsevä tasolla $p < 0.1$.

Painoindeksillä käytettäessä olivat kaikki kiinteät tekijät, paitsi talo, merkitseviä vähintään tasolla $p < 0.001$. Talolla ei näyttänyt olevan vaikutusta painoindeksiin ($p > 0.1$).

Rehunkulutuksen mallinnuksessa jätettiin eläimen sukupuoli ja ikä pois mallista:

$$y = \mu + \text{talo} + \text{pariteki} + \text{vuosi} + \varepsilon, \quad (8)$$

sillä eläinkohtaista päiväsyöntiä mallinnettaessa näytti, että vain pariteki olisi merkitsevä tasolla $p < 0.001$. Talo ja vuosi haluttiin kuitenkin pitää mukana vaihtelun analyysin mallissa.

Taulukko 8. Koko-ominaisuuksien kiinteiden tekijöiden tilastollisessa analyysissä olleiden alaluokkien LS-arviot poikkeamina yhdestä alaluokan tasosta (arvio = 0) ja näiden poikkeamien merkitsevyydet (p-arvo) sekä kovariaattina olleen iän regressiokerroin ja sen merkitsevyys.

	Pituus (cm)		Päiväkasvu (g/d)		Painoindeksi	
	LS-poikk.	p-arvo	LS-poikk.	p-arvo	LS-poikk.	p-arvo
pari MF	0.01		-0.89		-0.27	
pari MM	0.08		-4.22	***	-3.12	**
pari FF	0		0		0	
naaras	-3.40	***	-10.19	***	-3.08	***
uros	0		0		0	
ikä (regr.)	0.03	***	-0.40	***	0.26	***

P-arvojen selitykset: *** < 0.001, ** < 0.01, * < 0.05. LS least squares eli pienimmän neliösumman menetelmä

Sukupuoliparitekijän vaikutusta häkin eläimiin tutkittiin lisäksi laskemalla häkkiparin yksilöiden keskinen paino-, pituus- ja painoindeksiero, jota mallinnettiin mallilla:

$$y = \mu + \text{vuosi} + \text{talo} + \text{paritekijä} + b \times \text{eläimen ikä} + \varepsilon \quad (9)$$

Toisin sanoen haluttiin tutkia, vaikuttaako näihin parien sisäisiin eroihin se, ovatko eläimet samaa sukupuolta vai sekapari. Paritekijällä yleisesti oli tilastollisesti merkitsevää vaikutusta parin sisäiseen pituuseroon ($p < 0.001$), muttei paino- tai painoindeksieroon. Taulukkoon 9 on koottu saadut paritekijän luokkien, sukupuolen ja iän vaikutukset sekä niiden p-arvot.

Taulukko 9. Muuttujien eläinparin erojen kiinteiden tekijöiden tilastollisessa analyysissä olleiden alaluokkien LS-poikkeamat yhdestä alaluokan tasosta (arvio = 0) ja näiden poikkeamien merkitsevyydet (p-arvo) sekä kovariaattina olleen eläimen iän regressiokerroin ja sen merkitsevyys.

	painoero		pituusero		painoindeksiero	
	LS-poikk.	p-arvo	LS-poikk.	p-arvo	LS-poikk.	p-arvo
MM	$-3.43e^{-3}$		$3.49e^{-3}$	*	$-4.42e^{-3}$	
MF	$6.37e^{-3}$		$13.2e^{-3}$	***	$-6.67e^{-3}$	
FF	0		0		0	
ikä (regr.)	$2.32e^{-5}$		$7.89e^{-5}$		$-10.5e^{-5}$	

P-arvojen selitykset: *** < 0.001, ** < 0.01, * < 0.05. LS least squares eli pienimmän neliösumman menetelmä

5.3 Koko-ominaisuuksien geneettisten analyysien tulokset

Kolmelle koko-ominaisuudelle käytettiin vaihtelun analyysissä kiinteille tekijöille yhteistä mallia (7). Ominaisuuksille tehtiin sekä yhden että kahden ominaisuuden varianssikomponenttien analyysit, jolloin yksi ominaisuus oli mukana yhteensä kolmessa analyysissä. Itse analyysit tehtiin R-ohjelman MCMCglmm-paketilla, jonka avulla saatiin myös laskettua jokaiselle eläimelle ominaisuuskohtainen jalostusarvoestimaatti. Toisena satunnaistekijänä oli eläinparin yhteinen häkki.

Iteraatiokierrosten määrä asetettiin niin, että ESS olisi vähintään 100. Kaikki yhden ominaisuuden MCMC-analyysit tehtiin kahdesti eri ajokierrosten määrillä (30 000 ja 50 000/100 000). Koska niistä saadut periytymisasteet ja jalostusarvojen korrelaatiot olivat samat, on seuraavana esitetty vain jälkimmäisen analyysin tulokset.

Samoin kahden ominaisuuden ajot tehtiin kahdesti (30 000 ja 40 000 kierrosta) eivätkä tulokset juurikaan eronneet.

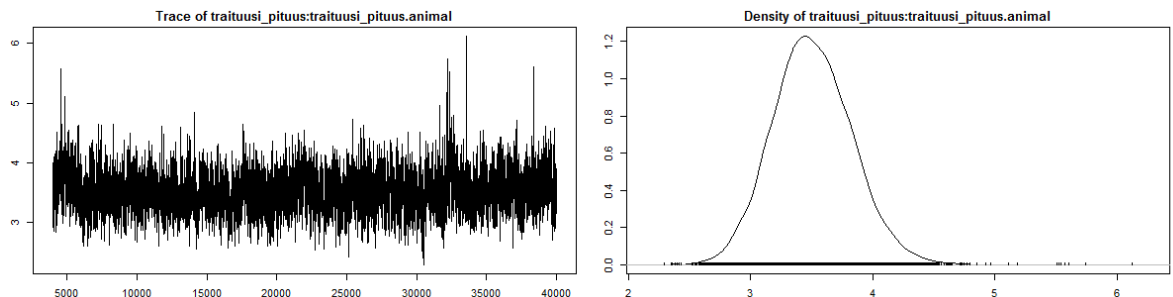
Pituus-muuttuja tuntui olevan ongelma sekä yhden että kahden ominaisuuden analyysien ajoissa, jolloin kierrosmääriä täytyi rajoittaa analyysien saamiseksi läpi. Huolimatta siitä, että analyysin sai ajoittain menemään läpi, näkyi ongelma odotettua pienempänä ESS-arvona erityisesti kahden ominaisuuden analyysissä. Pelkän päiväkasvun ja painoindeksin sekä niiden yhteisen kahden ominaisuuden analyysin ajoissa ei ongelmia ollut.

5.3.1 Pituus

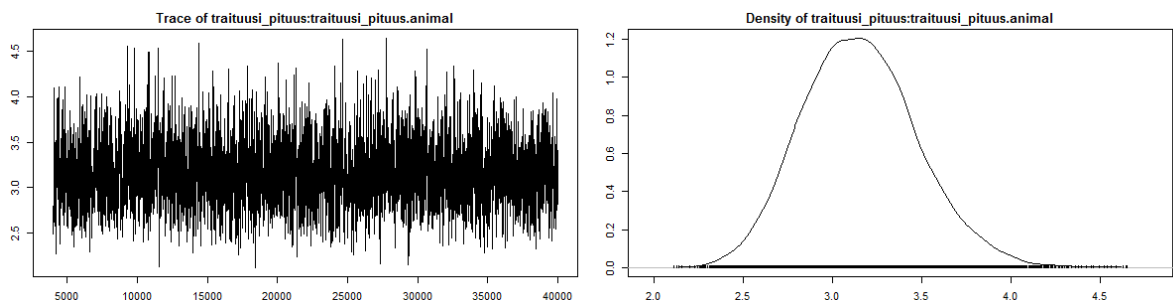
Analyysejä varten pituus muutettiin metreistä senttimetreiksi, koska tällöin eläinten pituuden varianssilla oli suurempi lukuarvo kuin metrimittaisella pituudella. Varianssin koolla oli merkitystä MCMC-analyysejä tehtäessä.

Pituuden analyysi tehtiin 50 000 kierroksen (burn-in 5 000) kokoisena. ESS oli eläinkomponentille 239.7 ja häkkikomponentille 1237. Pituuden ja päiväkasvun kahden ominaisuuden analyysissä käytettiin 40 000 (burn-in 4 000) kierrosta. ESS vaihteli eläimelle 78.17-1488.04 ja häkille 168.9-7882. Pituuden ja painoindeksin kahden ominaisuuden analyysi oli myös 40 000 kierroksen kokoinen ja ESS vaihteli eläimelle 118.9-1510.3 ja häkille 619-6187.

Kuvissa 8 ja 9 on esimerkkeinä pituuden eläinkomponentin posteriorijakauma kummastakin kahden ominaisuuden ajosta (toisena ominaisuutena päiväkasvu tai painoindeksi). Myös muiden kahden ominaisuuden analyysien posteriorijakaumista näkyi normaalijakautuneisuus.



Kuva 8. Pituuden vaihtelun eläinkomponentin posteriorijakauma pituuden ja päiväkasvun kahden ominaisuuden analyysissä.



Kuva 9. Pituuden vaihtelun eläinkomponentin posteriorijakauma pituuden ja painoindeksin kahden ominaisuuden analyysissä.

Taulukkoon 10 on koottu pituudelle saadut periytymisasteet, häkin vaikutus vaihteluun, geneettiset ja ympäristökorrelaatiot ja näiden posteriori-jakaumasta saatu parametrien 95 %:n luottamusalue. Pituuden periytymisasteeksi saatiin yhden ominaisuuden analyysissä korkeampi lukema (0.66) kuin kahden ominaisuuden analyysissä (0.43–0.45). Näissä analyysissä pituuden vaihtelussa yhteisestä häkkiympäristöstä johtuva varianssin osuus oli 0.17 – 0.28. Periytymisasteiden ja yhteisen ympäristön osuuden 95%:n luottamusalue oli nollan yläpuolella ja sen takia saatuja lukemia voidaan pitää ’tilastollisesti merkitsevinä’.

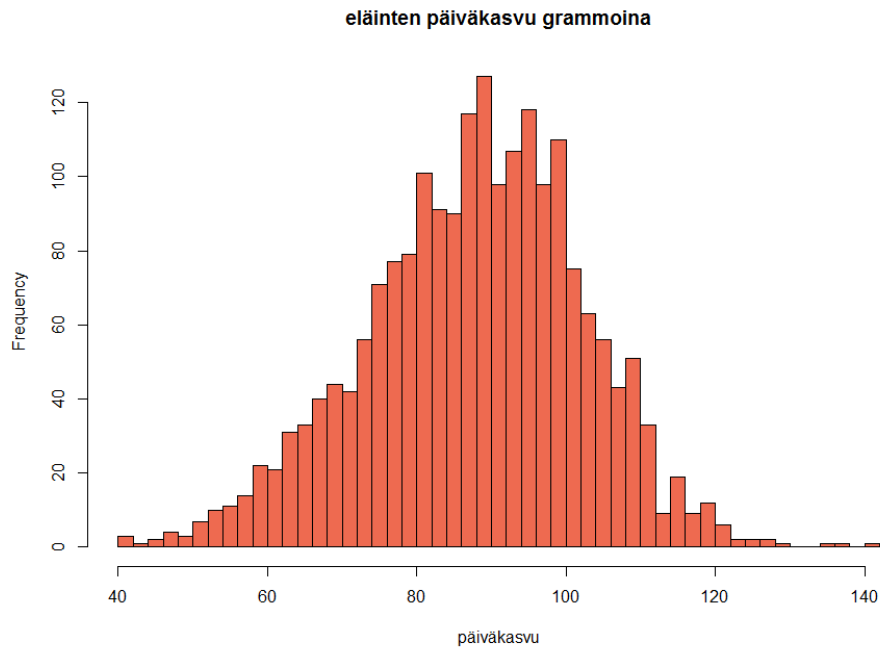
Pituuden ja päiväkasvun välinen geneettinen korrelaatio oli 0.42 ja ympäristökorrelaatio 0.20. Sen sijaan pituuden ja painoindeksin välinen geneettinen korrelaatio ja ympäristökorrelaatio olivat nollia (95%:n luottamusalue sisälsi nollan).

Taulukko 10. Sinikettujen pituudelle lasketut periytymisasteet h^2 , yhteisen häkin aiheuttaman varianssin osuus c^2 ja niiden 95%:n luottamusalue suluissa alla. Lisäksi esitetty kahden ominaisuuden analyysien geneettiset ja ympäristökorrelaatiot. Himmennettynä on korrelaatiot, joiden luottamusalue sisältää nollan.

	1-om. analyysi	2-ominaisuuden analyysi	
	pituus	pituus+päiväkasvu	pituus+painoindeksi
h^2	0.66 (0.51-0.80)	0.45 (0.39-0.51)	0.43 (0.37-0.50)
c^2	0.17 (0.11-0.22)	0.28 (0.24-0.32)	0.27 (0.23-0.32)
gen. korrelaatio	-	0.42 (0.31-0.53)	-0.05 (-0.20-0.10)
ymp. korrelaatio	-	0.20 (0.01-0.38)	-0.10 (-0.28-0.07)

5.3.2 Päiväkasvu

Päiväkasvu laskettiin jakamalla eläimelle kokeen aikana kertynyt paino eläinkohtaisten koepäivien määrällä. Keskimääräinen eläinten päiväkasvu oli 88 g/d ja keskihajonta 14.6. Pienin päiväkasvu oli noin 40 g/d ja suurin 141 g/d. Päiväkasvun jakauma on esitetty kuvassa 10.



Kuva 10. Sinikettujen päiväkasvun (g/d) jakauma. Keskiarvo 88, keskihajonta 14.6, minimiarvo 40 ja maksimiarvo 141.

Päiväkasvun analyysi tehtiin 100 000 kierroksen (burn-in 10 000) kokoisena. ESS oli eläimelle 503.7 ja häkille 1775. Päiväkasvun ja pituuden kahden ominaisuuden analyysissä käytettiin 40 000 (burn-in 4 000) kierrosta. ESS vaihteli eläimelle 78.17-1488.04 ja häkille 168.9-7882.0. Päiväkasvun ja painoindeksin kahden ominaisuuden analyysissä (40 000 kierrosta) ESS vaihteli eläimelle 225.0-251.6 ja häkille 902.1-1156.6.

Taulukkoon 11 on koottu päiväkasvulle saadut periytymisasteet, yhteisen häkin vaikutus, geneettiset ja ympäristökorrelaatiot ja näiden 95%:n luottamusalue. Päiväkasvun periytymisasteeksi saatiin kaikissa analyyseissä korkea lukema, 0.72–0.83 (vrt. taulukko 10). Yhteisen häkkiympäristön vaihteluosuudeksi saatiin samoissa analyyseissä 0.04–0.08. Päiväkasvun ja painoindeksin välinen geneettinen korrelaatio oli 0.91 ja ympäristökorrelaatio 0.78.

Taulukko 11. Sinikettujen päiväkasvulle lasketut periytymisasteet h^2 , yhteisen häkin aiheuttaman varianssin osuus c^2 ja niiden 95%:n luottamusalue suluissa alla. Lisäksi esitetty kahden ominaisuuden analyysien geneettiset ja ympäristökorrelaatiot.

	1-om. analyysi	2-ominaisuuden analyysi	
	päiväkasvu	päiväkasvu+pituus	päiväkasvu+painoindeksi
h^2	0.72 (0.58-0.86)	0.83 (0.68-0.97)	0.74 (0.62-0.87)
c^2	0.08 (0.04-0.11)	0.04 (0.01-0.08)	0.08 (0.05-0.12)
gen. korrelaatio	-	0.42 (0.31-0.53)	0.91 (0.88-0.94)
ymp. korrelaatio	-	0.20 (0.01-0.38)	0.78 (0.61-0.89)

5.3.3 Painoindeksi

Painoindeksin analyysi tehtiin 100 000 kierroksen (burn-in 10 000) kokoisena. ESS oli eläimelle 664.7 ja häkille 2421. Painoindeksin periytymisasteeksi saatiin eri analyyseistä 0.66–0.72 ja yhteisen häkkiympäristön vaikutukseksi 0.10–0.12. Taulukkoon 12 on koottu painoindeksille saadut periytymisasteet, yhteisen häkin vaihtelun osuus c^2 ja näiden 95%:n luottamusalue. Ominaisuuksien väliset geneettiset ja ympäristökorrelaatiot on esitetty taulukoissa 10 ja 11.

Taulukko 12. Sinikettujen painoindeksille lasketut periytymisasteet h^2 , yhteisen häkin aiheuttaman varianssin osuus c^2 ja niiden 95%:n luottamusalue suluissa alla.

	1-om. analyysi	2-ominaisuuden analyysi	
	painoindeksi	painoindeksi+pituus	painoindeksi+päiväkasvu
h^2	0.66 (0.51-0.79)	0.72 (0.56-0.89)	0.69 (0.57-0.83)
c^2	0.11 (0.07-0.16)	0.10 (0.05-0.15)	0.12 (0.07-0.16)

5.4 Rehunkulutuksen geneettisten analyysien tulokset

Rehunkulutuksen ja RFI:n analysoinnissa käytettiin kiinteille tekijöille yhteistä mallia (8).

Geneettisen vaihtelun arviointiin tarkoitettu satunnainen tekijä vaihteli analyysikohtaisesti. Aineistona oli parinsa (762 kpl) kanssa rinnakkain sijoitetuttua eläintä (1524 kpl).

Rehunkulutuksen geneettiset analyysit tehtiin kahdesti samoilla kierrosmäärillä (100 000 tai 200 000 riippuen analysoitavasta tekijästä) eivätkä tulokset eronneet, joten seuraavana on esitelty jälkimmäisten analyysien tulokset. Burn-in oli 10% kokonaiskierrosten määrästä.

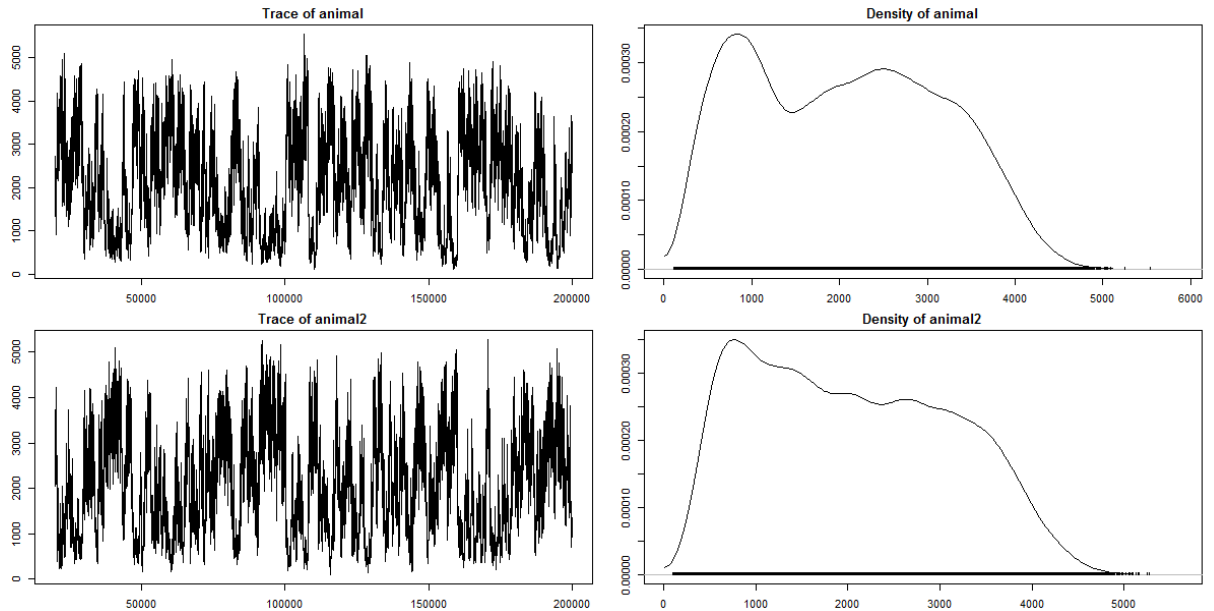
5.4.1 Päiväsyönti

Päiväsyöntiä analysoitiin kahdella tavalla. Toisessa häkkikohtaista syöntiä selitettiin kiinteiden tekijöiden lisäksi satunnaistekijöiksi valituilla häkin molemmilla eläimillä ja toisessa puolitettua häkkikohtaista kulutusta selitettiin kiinteiden lisäksi yhdellä eläimellä. Kierrosmäärä oli molemmilla 200 000.

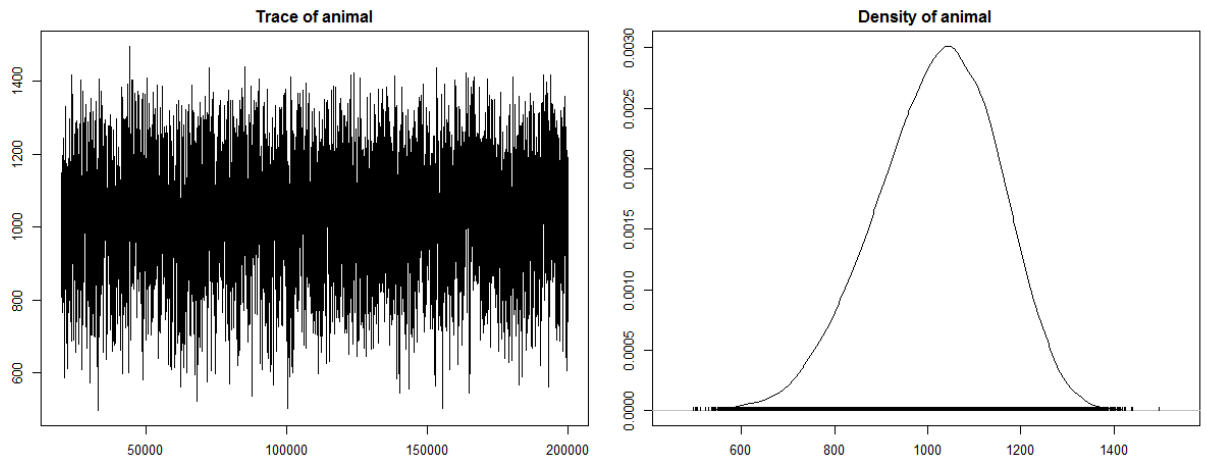
Selitettäessä häkkikohtaista syöntiä häkin molemmilla eläimillä syönnin periytymisasteeksi saatiin ensimmäiselle eläimelle 0.71 (posteriori-jakauman keskihajonta 0.17) ja toiselle eläimelle 0.71 (0.16). ESS kummallekin eläimelle oli noin 120.

Selitetessä puolitettua häkkikohtaista syöntiä ainoastaan häkkiparin ensimmäisellä eläimellä saatiin syönnin periytymisasteeksi 0.85 (0.07). Eläimen ESS oli 1253.

Kuvissa 11 ja 12 on esitetty molempien analyysien eläinkomponentin posteriorijakaumat.



Kuva 11. Eläinkomponenttien posteriorijakaumat, kun häkkikohtaista päiväsyöntiä selitettiin molemmilla eläimillä (animal1 ja animal2).

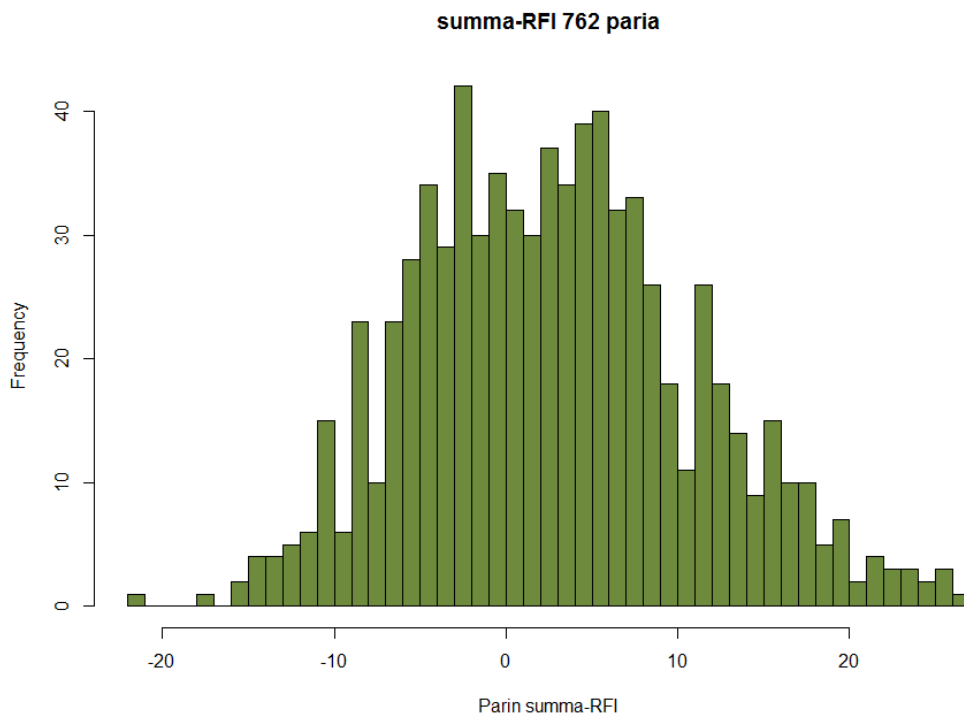


Kuva 12. Eläinkomponentin posteriorijakauma, kun eläinkohtaista päiväsyöntiä selitettiin vain yhdellä eläimellä.

5.4.2 RFI

Kappaleessa 4.3.2. selostettiin painoindeksin käyttö RFI:n laskemisessa. Normaalipainoisten osa-aineistoon poimittiin eläimet, joiden painoindeksi oli välillä 93.5-106.5. Jakauma oli niin symmetrinen, että näiden eläinten painoindeksin keskiarvo oli 100.01. Näille yksilöille saatiin eläinkohtainen kuiva-ainesyönti puolittamalla häkin eläinparin kuiva-ainesyönti. Tämän jälkeen näiden eläinten kilomääräistä kuiva-ainesyöntiä (kg) selitettiin eläimen pituudella (cm) ja pituuden neliöllä. Saatiin regressioyhtälö, jossa vakiona oli 168.59, pituuden kertoimena -4.03 ja pituuden neliön kertoimena 0.03. Tällä yhtälöllä laskettiin kaikille eläimille pituudesta ennustettu kuiva-ainetarve (kg).

Summa-RFI laskettiin yhdistämällä häkin molempien eläinten pituutensa mukaan ennustettu rehun tarve ja vähentämällä se häkkikohtaisesta havaitusta kuiva-ainesyönnistä. Kuvassa 13 on esitetty 762 eläinparin summa-RFI:n jakauma.

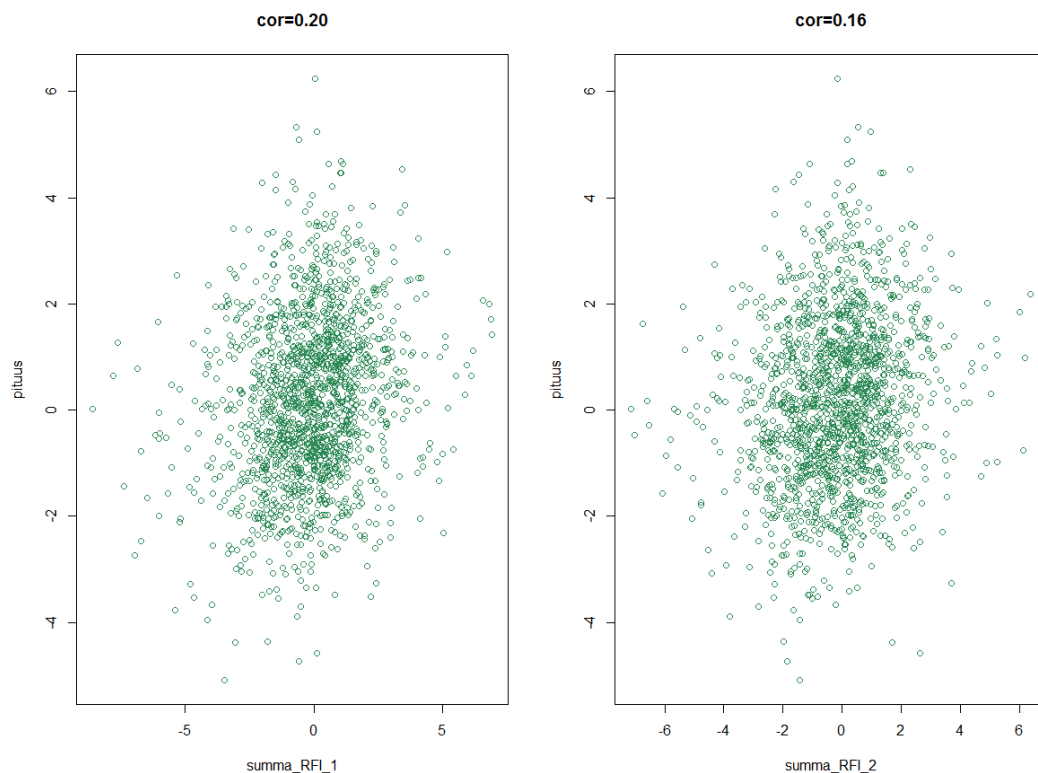


Kuva 13. Sinikettujen summa-RFI:n (kg) jakauma. Keskiarvo 2.84, keskihajonta 8.15, minimiarvo -21.03 ja maksimiarvo 26.28.

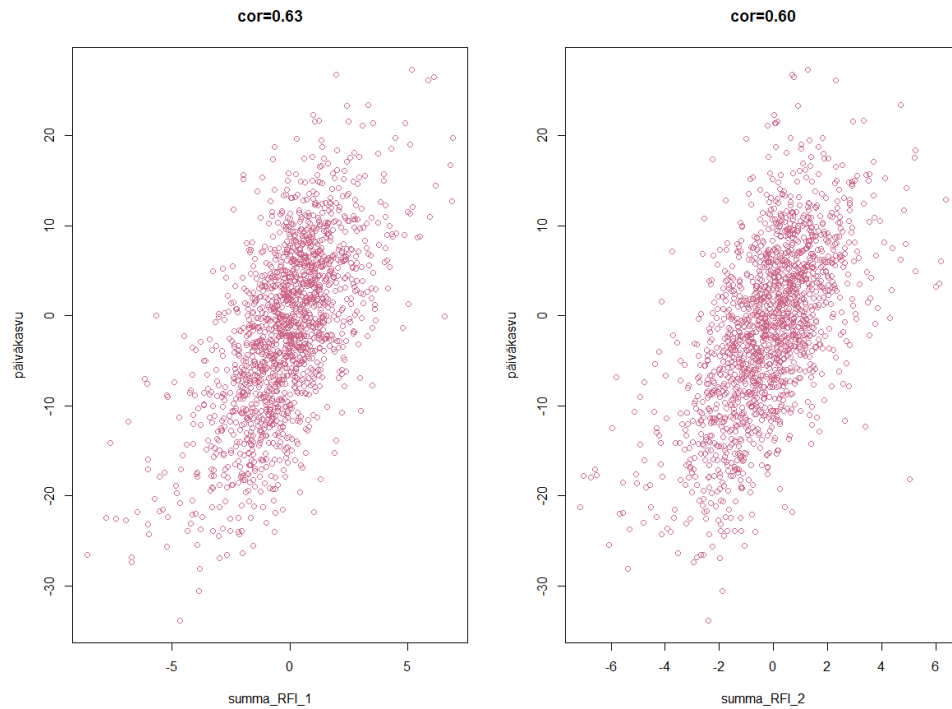
Summa-RFI:lle tehtiin varianssikomponenttien arviointi MCMC-analyysillä 100 000 kierroksella (burn-in 10 000). Geneettistä vaihtelua selittävinä satunnaistekijöinä olivat molemmat häkissä olevat eläimet. Periytymisasteeksi saatiin parin ensimmäiselle eläimelle 0.48 (0.20) ja toiselle 0.43 (0.20). ESS oli ensimmäiselle eläimelle 110.4 ja toiselle eläimelle 99.55.

Koska summa-RFI määritettiin parikohtaisesti ja koko-ominaisuudet olivat eläinkohtaisia, ei niiden välillä voitu tehdä kahden ominaisuuden MCMC-analyysiä geneettisten korrelaatioiden määrittämiseksi. Sen sijaan likimääräinen geneettinen korrelaatio voitiin määrittää ominaisuuksien jalostusarvoestimaateista. Summa-RFI:n vaihtelun analyysi tuotti kaksi jalostusarvoestimaattien joukkoa. Pituuden ja summa-RFI:n geneettiseksi korrelaatioksi saatiin 0.16-0.20, päiväkasvun ja summa-RFI:n 0.60-0.63 ja painoindeksin ja summa-RFI:n 0.63.

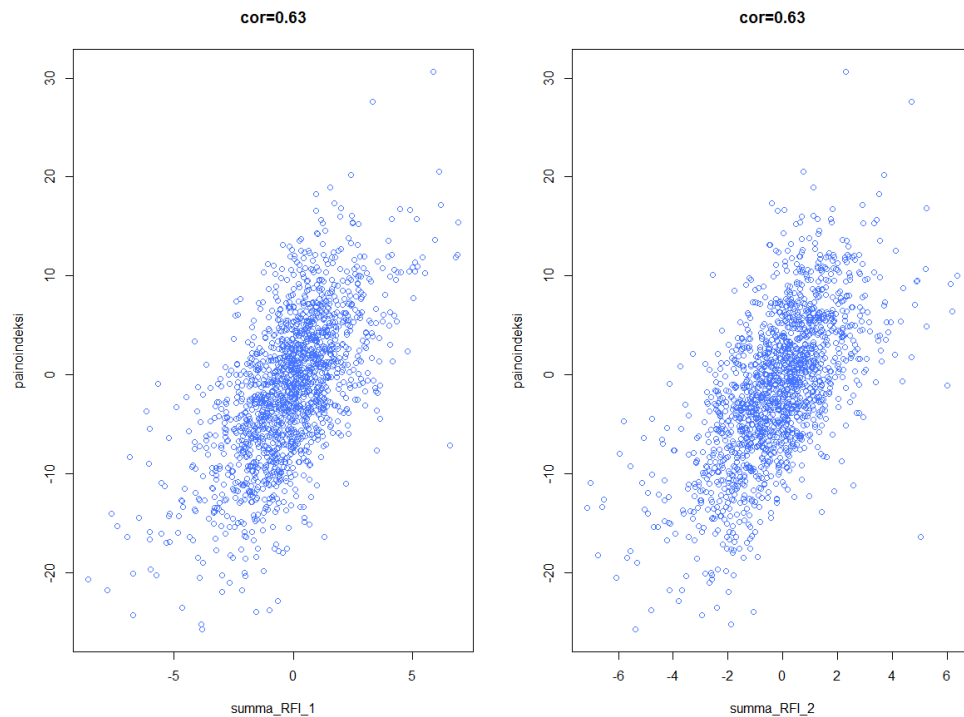
Kuvissa 14, 15 ja 16 on esitetty pituuden, päiväkasvun ja painoindeksin yhteyttä summa-RFI:stä saatuihin jalostusarvoihin.



Kuva 14. Summa-RFI:n vaihtelun analyysi häkkiparin eläimille tuotti kaksi jalostusarvoestimaattien joukkoa (summa-RFI-1 ja summa-RFI-2). Lasketut summa-RFI:n jalostusarvot on esitetty näille yhdessä samojen eläinten pituuden jalostusarvojen kanssa. Ominaisuuksien geneettisen korrelaation arviot ovat 0.16-0.20.



Kuva 15. Summa-RFI:n vaihtelun analyysi häkkiparin eläimille tuotti kaksi jalostusarvoestimaattien joukkoa (summa-RFI-1 ja summa-RFI-2). Lasketut summa-RFI:n jalostusarvot on esitetty näille yhdessä samojen eläinten päiväkasvun jalostusarvojen kanssa. Ominaisuuksien geneettisen korrelaation arviot ovat 0.60-0.63.



Kuva 16. Summa-RFI:n vaihtelun analyysi häkkiparin eläimille tuotti kaksi jalostusarvoestimaattien joukkoa (summa-RFI-1 ja summa-RFI-2). Lasketut summa-RFI:n jalostusarvot on esitetty näille yhdessä samojen eläinten painoindeksin jalostusarvojen kanssa. Ominaisuuksien geneettisen korrelaation arvio on 0.63.

6 TULOSTEN TARKASTELU

6.1 Aineistot

Verrattuna tiloilta kerättyihin nauta-aineistoihin, SOLAKKA-kokeen aineisto oli kustannustehokkuuden takia eläinmäärällisesti pieni (2036 eläintä) ja analyysijä varten eläimiä jouduttiin vielä karsimaan niin, että itse analyysissä koko-ominaisuuksien aineistoissa oli 1554 eläintä ja rehunkulutusaineistossa 1524 eläintä. Koe oli kuitenkin suunniteltu paritusten kannalta niin, että eläinmäärän pienuudesta huolimatta se olisi luotettava pohja tehdä geneettisiä analyysijä.

Fenotyyppitiedot olivat kuitenkin monipuolisia ja koska ne oli mitattu MTT:n koeasemalla tutkimuskokeen (SOLAKKA) yhteydessä, voidaan niitä pitää jossain määrin luotettavampina kuin käytettäessä esimerkiksi tiloilta kerättäviä tuotostietoja.

Käytettävissä oleva sukulaisuusaineisto oli 21 296 eläimen kokoinen. Siinä oli satunnaisia selviä virhemerkintöjä, kuten duplikaattimerkintöinä samoja identtejä sekä isä- että emä-sarakkeissa, mutta niiden määrä ei ollut hälyttävä. Lisäksi sukupuutietoja käytettäessä täytyy hyväksyä tietynlainen epävarmuus, sillä tiedot on usein kerätty käsin useiden vuosien aikana, jolloin yksittäisten virheiden huomaaminen ja jäljittäminen on hankalaa.

6.2 Menetelmät

Kehitetyille painoindeksille, pituudelle ja päiväkasvulle sekä rehunkulutusominaisuuksille määritettiin MCMCglmm-analyysin avulla geneettiset komponentit ja jalostusarvoestimaatit. Perinteisesti kvantitatiivisten ominaisuuksien vaihtelua analysoidaan eläinjalostustutkimuksessa REML-menetelmällä. Kun bayesläiseen metodiikkaan perustuvassa MCMCglmm-analyysissä käytetään epäinformatiivista prioria, sen tulosten oletetaan olevan samoja kuin REML:ssä. Toisaalta MCMCglmm-analyysi on joustava ja antaa mahdollisuuden käyttää alhaisten heritabiliteettien ja/tai pienten aineistojen yhteydessä ratkaisujen hakemisessa myös informatiivisia prioreja ja niistä saatavien tulosten vertailua kuten tässä tutkielmassa

tehtiin. Tutkielman analyyseissä käytettiin myös korkeita kierrosmääriä, jotka häivyttävät informatiivisen priorin vaikutusta tuloksiin.

Kun eläinkohtaisissa tiedoissa oli eroja ja niiden seurauksena myös tilastolliset analyysit olivat poikkeavia, jalostusarvoestimaattien avulla määritettiin koko-ominaisuuksien ja summa-RFI:n väliset korrelaatiot. Nämä antavat viitteellisen käsityksen korrelaatioista.

6.3 Painoindeksi

Tässä tutkielmassa kehitettiin siniketuille uusi tuotantoympäristöön sopiva lihavuutta kuvaava mitta, painoindeksi. Se tehtiin Benn'in (1971) kehittelyn pohjalta. Painoindeksi on suhdeluku, minkä takia se ei sisällä mitään mittayksiköitä. Painoindeksin kaavan parametrit laskettiin erikseen molemmille sukupuolille, jolloin se ottaa huomioon sukupuolten välisen painoeron ja erilaisen taipumuksen lihavuuteen. Lisäksi painoindeksi on pituudesta riippumaton (painoindeksin ja pituuden välinen korrelaatio on 0.01), mikä on Benn'in (1971) mukaan yksi hyvän lihavuusindeksin perusteista.

Painoindeksi voisi olla toimiva ja yksinkertainen työkalu tuotanto-olosuhteissa. Koska kyseessä on uusi jalostusvalinnan työkalu, tulisi sen vaikutuksia seurata. Liian tiukkojen jalostusvalintarajojen asettaminen alussa voi johtaa populaation monimuotoisuuden kaventumiseen. Lisäksi painoindeksillä saattaa olla vielä tiedostamattomia epäedullisia yhteyksiä muihin ominaisuuksiin. Yksi vartenotettava huolen aihe voi olla luuston tiheys. Keveämpiä eläimiä suosimalla saatetaan samalla suosia huokoisempaa luuston rakennetta (Jussi Peura, henkilökohtainen kommentti). Tuottajilla on myös huoli eläinten koon rajoittamisen negatiivisista vaikutuksista turkin laatuun (Jussi Peura, henkilökohtainen kommentti).

Painoindeksin kehittäminen aloitettiin kuntoluokaltaan 3 ja 4 olevien eläinten avulla. Koska kuntoluokkaa 4 voidaan pitää jo jonkin verran ylipainoisena, tarkoittaa se, että painoindeksi antaa jonkin verran anteeksi eläimen lihavuutta.

Koska jatkossakin on taloudellisinta kasvattaa nahkojen kokoa, tulee seurannassa kiinnittää huomiota siihen, ettei nahkojen kokokehitys pysähdy. Eläinten lihavuuden nousun on kuitenkin loputtava ja mieluiten käännäytävä laskuun. Ajatusmallista, jossa lihava eläin yhdistetään isoon ja laadukkaaseen turkkiin, tulisi päästä eroon. Turkin laatuun vaikuttaa perimän lisäksi ruokinta ja Hernesniemen (2000) mukaan erityisesti

rikkipitoiset aminohapot metioniini ja kystiini ovat tärkeitä karvan kasvulle. Näin ollen panostamalla erityisesti karvankasvukauden ruokintaan ja sen optimointiin energian ja tärkeiden ravintoaineiden osalta, voidaan vaikuttaa turkin laatuun. Tämä edellyttää myös rehujen koostumuksen tuntemista.

6.4 Tilastolliset mallit

6.4.1 Koko-ominaisuuksien mallit

Kempe ym. (2009) käyttivät analyyseissään mallia (6), jossa oli mukana emän ikä kiinteänä tekijänä, sillä he olivat huomanneet nuorien naaraiden jälkeläisten saavan korkeampia kuntoluokitustuloksia kuin vanhempien naaraiden jälkeläisten. Tuotantovuosi ei ollut mukana tekijöissä. Tässä tutkielmassa otettiin vertailtavaksi malli (7), jossa emän vaikutusta ei ole huomioitu. Sen sijaan vuosi oli mallissa mukana. Emän jättämiseen pois päädyttiin siksi, että eläimet viettivät koko koeajan parinsa kanssa häkissä, ja maternaalivaikutuksen ajateltiin olevan pienempi kuin yhteisen häkkiympäristön vaikutuksen. Vertailussa arvioitiin yksittäiselle tekijälle F-testillä sen vaikutus vaihteluun, kun muiden mallissa olevien tekijöiden vaikutus on otettu huomioon (R-ohjelman drop1-komento). Malleja testattiin erikseen pituudelle, päiväkasvulle ja painoindeksille.

Kempen ym. (2009) mallissa (6) eläimen ikä oli luokkamuuttujana (neljä luokkaa) ja se laskettiin vuoden alusta eläimen syntymään. Tässä tutkielmassa ikää käytettiin molemmissa malleissa regressiomuuttujana syntymästä gradeeraukseen ja se oli merkitsevä ($p < 0.01$) molemmilla malleilla (6) ja (7) tutkituilla ominaisuuksilla.

Yhteisistä luokkamuuttujista kasvatuksessa käytetty talo, eläimen sukupuoli ja häkin sukupuolten paritekijä olivat eri ominaisuuksissa enimmäkseen merkitseviä molemmilla malleilla (6) ja (7). Vuosi-muuttujan merkitsevyys vaihteli pituuden ja painoindeksin ($p < 0.01$) sekä päiväkasvun ($p < 0.1$) välillä. Emän iän merkitsevyys luokkamuuttujana vaihteli päiväkasvun ja painoindeksin ($p < 0.01$) sekä pituuden ($p < 0.1$) välillä. Tilastollisen mallin selittämä vaihtelun osuus (R^2) kertoo mallin käyttökelpoisuudesta. Mallien välille ei saatu juurikaan eroa (taulukko 13) edes käyttämällä vertailukriteerinä korjattua selityssastetta (adjusted R^2). Perinteinen selityssaste nousee aina lisättäessä

malliin kiinteitä tekijöitä, mutta korjattu selitysaste voi laskea turhaan lisättyjen tekijöiden takia. Tutkielmassa käytettäväksi malliksi päätettiin lopulta malli, jossa emän vaikutus oli jätetty pois kiinteistä tekijöistä.

Taulukko 13. Eri ominaisuuksien analyysissä käytettyjen tilastollisten mallien (6) ja (7) vertailu korjatun selitysasteen avulla (eri ominaisuuksille saatu suurempi selitysaste on vahvennettu).

ominaisuus	oma malli (7) korjattu R²	Kempe ym. (2009) malli (6) korjattu R²
pituus (cm)	0.341	0.339
päiväkasvu	0.229	0.232
painoindeksi	0.208	0.187

Varianssikomponenttien analyysissä Kempe ym. (2009) käyttivät pentuetekijää satunnaisena tekijänä kuvaamaan täyssisarten emän vaikutuksesta ja yhteisen pentueajan ympäristöstä johtuvaa samankaltaisuutta. Tässä tutkielmassa mallinnuksessa keskityttiin myöhempään yhteiseen ympäristöön, koska samassa häkissä oleva eläinpari on pidemmän ajan häkkiympäristössä kuin emänsä kanssa. Sen mukaisesti vaihtelun komponenttien analyysiä tehtäessä laitettiin satunnaistekijäksi eläimen itsensä lisäksi yhteistä häkkiympäristöä kuvaava häkkikoodi. Pentuevaikutuksen jättämistä pois mallista ei ole yleisesti käytetty aikaisemmissa tutkimuksissa (Jussi Peura, henkilökohtainen kommentti). Sitä voidaan kuitenkin pitää perusteltuna, koska eläimet ovat viettäneet yhteisessä häkissä eniten aikaa ja fenotyyppihavainnot on kerätty tästä ajanjaksosta.

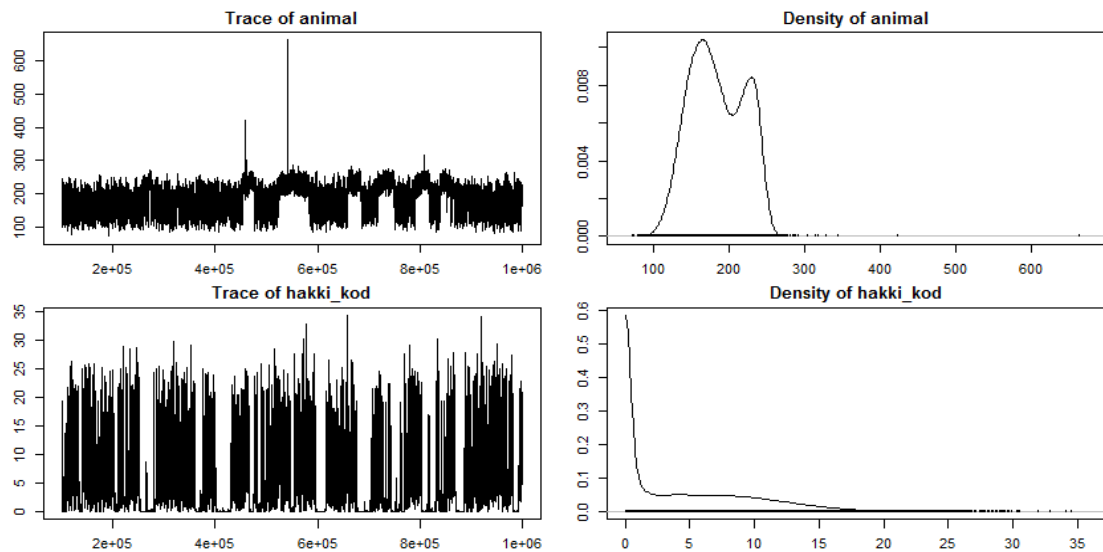
6.4.2 Rehunkulutuksen mallit

Häkkikohtaisesti mitatun päiväsyönnin mallina käytettiin hieman riisuttua versiota (8) koko-ominaisuuksien mallista (7). Tekijöiden yhteistarkastelussa (R-ohjelman drop1) vain paritekijä oli merkitsevä ($p < 0.01$), mutta vuosi ja talo haluttiin pitää mukana varianssikomponenttien analyysissä selittävinä tekijöinä.

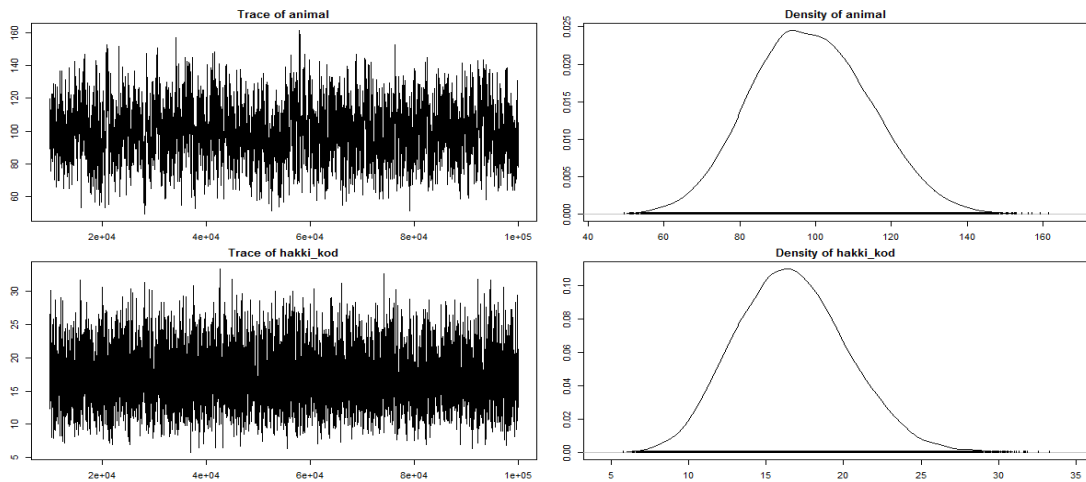
6.5 Koko-ominaisuuksien geneettiset analyysit

Koko-ominaisuuksien geneettisissä analyyseissä priorijakauma tuotti ongelmia. Epäinformatiivisen priorin käyttö toimi pituudelle (cm), muttei päiväkasvulle ja painoindeksille, joiden posteriorijakaumat olivat huonolaatuisia. Kuvassa 17 on esimerkkinä päiväkasvun vaihtelun eläimen ja häkkikoodin posteriorijakaumat, kun analyysi tehtiin epäinformatiivisella priorilla.

Uusi, informatiivinen prior, luotiin analysoitavan ominaisuuden tai ominaisuusparin varianssien perusteella. Yhden ominaisuuden analyyseissä käytettiin priorin perustana varianssin puolikasta sekä eläimelle, häkille että residuaalille. Kahden ominaisuuden analyyseissä käytettiin molempien ominaisuuksien kokonaisa variansseja. Se toimi hyvin päiväkasvulle ja painoindeksille. Kuvassa 18 on päiväkasvun posteriorijakauma eläimelle ja häkkikoodille informatiivisen priorin jälkeen (vrt. kuva 17).



Kuva 17. Päiväkasvun analyysin eläimen ja häkkivaikutuksen komponenttien posteriorijakaumat epäinformatiivisen priorin kanssa.



Kuva 18. Päiväkasvun analyysin eläimen ja häkkivaikutuksen komponenttien posteriorijakaumat informatiivisen priorin kanssa.

Kahden ominaisuuden analyyseissä käytettiin informatiivista prioria yhtenäisyyden takia ja analyysien kierrosmäärät olivat tarpeeksi suuria häivyttämään priorin vaikutuksen lopputulokseen.

6.5.1 Pituus

Pituuden geneettisissä analyyseissä saadut periytymisasteet vaihtelivat 0.43-0.66 ja yhteisen häkkiympäristön osuus 0.17-0.28. Kempe ym. (2008) saivat pituudelle samoin korkean periytymisasteen 0.52 (± 0.12) ja pentueteikijän vaikutuksen osuudeksi 0.08 (± 0.04). Kempe ym. (2008) käyttivät samaa eläinainestoa kuin tässä tutkielmassa ja he perustelivat korkeaa periytymisastetta pienellä eläinmäärällä ja kontrolloiduilla koeympäristöllä.

Pituuden ja päiväkasvun välinen geneettinen korrelaatio oli tässä tutkielmassa 0.42, joka on linjassa Kempen ym. (2010) laskeman geneettisen korrelaation 0.40 (± 0.18) kanssa.

Pituuden ja painoindeksin välisen geneettisen korrelaation ei tässä tutkielmassa tulkittu eroavan nolasta. Painoindeksiä ei ole aikaisemmin tutkittu siniketuilla, mutta esimerkiksi pituuden ja kuntoluokan välille Kempe ym. (2010) saivat samasta aineistosta myös ei-merkitsevän lukeman 0.11 (± 0.20).

6.5.2 Päiväkasvu

Tässä tutkielmassa tarkasteltiin eläinten taipumusta lihomiseen ja tuloksia seurattiin vielä kiihkeämmän kasvun jälkeen. Sen takia tässä tutkielmassa määritettiin päiväkasvu koko koeajalle, kun taas Kempe ym. (2008 ja 2010) käyttivät kiinteää aikaikkunaa elo-lokakuu, jolle päiväkasvu laskettiin. Tästä syystä tulokset eivät ole täysin vertailukelpoisia.

Kempe ym. (2008) määrittivät elo-lokakuun päiväkasvulle periytymisasteeksi 0.29 (± 0.09) ja pentuevaikutuksen osuudeksi 0.17 (± 0.03). Tässä tutkielmassa päiväkasvulle saatiin huomattavasti suurempia periytymisasteita (0.72-0.83). Häkkiympäristön vaikutuksen osuus (0.04-0.08) oli puolestaan pienempi kuin pentuevaikutuksen osuus.

Päiväkasvulle ja painoindeksille saatiin geneettinen korrelaatio 0.91. Suoraa vertailuaineistoa ei tästä ole siniketuilla saatavilla, mutta esimerkiksi päiväkasvun ja kuntoluokan välillä on Kempen ym. (2010) mukaan korkea (0.85 ± 0.07) geneettinen korrelaatio.

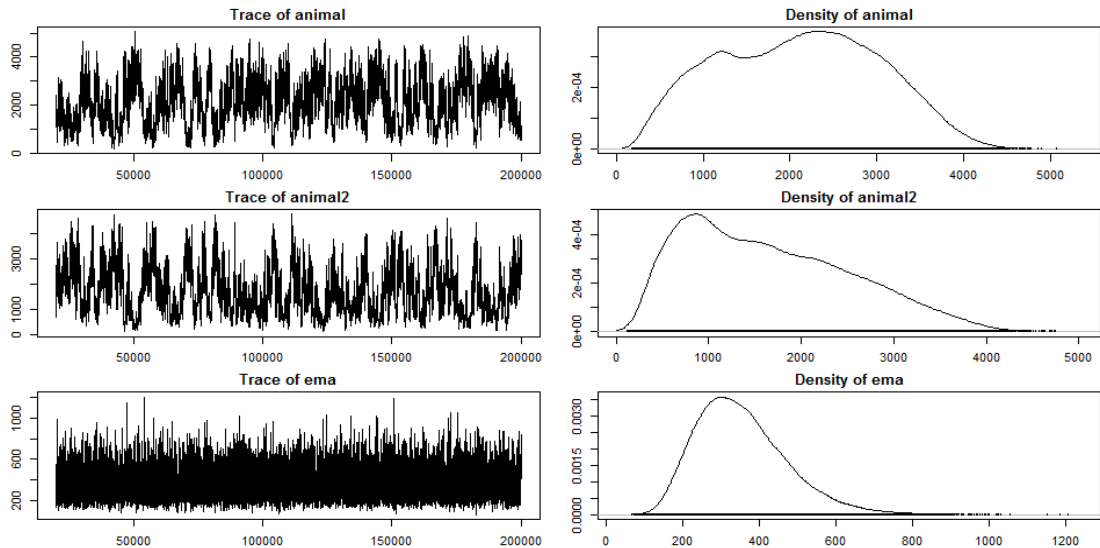
6.5.3 Painoindeksi

Painoindeksille saatiin korkeita periytymisasteita (0.66-0.72) ja yhteisen häkin vaikutuksen osuudeksi 0.11-0.12. Painoindeksin tuloksia voidaan verrata kuntoluokalle saatuihin tuloksiin, sillä molempien on tarkoitus kuvata eläimen lihavuutta. Kempe ym. (2010) määrittivät kuntoluokan periytymisasteeksi 0.30 (± 0.08). Molempien tulosten perusteella lihavuudessa on geneettistä vaihtelua. Painoindeksi on asteikoltaan tiheämpi ja sen takia parempi vaihtelun tutkimisessa. Se on toisaalta helppo mitata tuotantotiloillakin.

6.6 Rehunkulutuksen geneettiset analyysit

Rehunkulutuksen vaihtelun analysoinnissa tilastollisia malleja verrattiin kolmella tavalla; laittamalla satunnaisiksi tekijöiksi joko yksi eläin, molemmat eläimet tai molemmat eläimet ja niiden yhteistä ympäristöä kuvaava pentuetekijä. Pentueen lisääminen

satunnaistekijäksi (kuva 19) ei muuttanut eläinten posteriorijakaumia (vrt. kuva 11), joten se jätettiin tulostanalyysistä pois.



Kuva 19. Posteriorijakauma häkkikohtaisen päiväsyönnin analyysistä, jossa satunnaistekijöinä olivat molemmat eläimet sekä emä.

6.6.1 Päiväsyönti

Tässä tutkielmassa määritettiin periytymisasteet häkkikohtaiselle (0.71 molemmille eläimille) ja häkkikulutus puolittamalla eläinkohtaiselle (0.85) kuiva-aineen päiväsyönnille. Päiväsyönti laskettiin koko koeajalle, kun taas Kempe ym. (2008) laskivat sen kiinteälle välille elo-lokakuulle. Heidän saamansa periytymisaste oli $0.24 (\pm 0.05)$ eli huomattavasti pienempi kuin kumpikaan tässä tutkielmassa saatu arvo. Yhteisenä ympäristönä Kempe ym. (2008) analyysissä oli pentue, jonka osuudeksi vaihtelusta tuli $0.14 (\pm 0.03)$. Tässä tutkimuksessa yhteinen ympäristö analysoitiin häkkikohtaisesti, koska yhteisessä häkissä oleva vaikutus kattaa pitemmän jakson yhteisestä kasvuajasta ja yhteisen pentuajan vaikutus alkaa vaimentua. Aineiston koko ei mahdollistanut molempien samanaikaista analysointia.

Tapa selittää häkkikohtaista ominaisuutta, eli päiväsyöntiä, molemmilla häkin eläimillä oli peräisin Shiralin ym. (2015) tutkimuksesta. Eläin- ja häkkikohtaisen syönnin analyysissä ESS-luvut erosivat huomattavasti, vaikka molemmat analyysit tehtiin samalla kierrosmäärällä (200 000). Vain toista häkkiparin eläintä käyttämällä oli ESS-

luku 1253 ja molempien eläinten analyysissä noin 120 kummallekin eläimelle. Vertaamalla tulokappaleen 5.4.1 kuvia 11 ja 12 voidaan todeta, että molempien eläinten lisääminen satunnaistekijöiksi aiheutti analyysissä tilanteen, jossa parin täyssisaret ”kilpailivat” vaihtelun selittämisestä (kuva 11). Tämä voi vaikuttaa ESS-lukuun. Ihanteena olisi ollut molemmilla yhtä tasainen iteraation kulku kuin rehunkulutuksen selittämisessä häkkiparin toisella eläimellä (kuva 12).

Häkkikohtaisesti mitatun rehunkulutuksen selittäminen molemmilla eläimillä on tehokkaampi ja harhattomampi tapa käyttää kahden sukupolven tietoja, vaikka tuloksena saadut posteriorijakaumat ovat laajempia. Häkkiparin eläimille tulee eri jalostusarvoestimaatit, kun ne ovat eri sukupuolta ja kun ne ovat ensimmäisen vuoden jälkeläisiä saaneita yksilöitä. Isompikokoiset urokset pyrkivät usein dominoimaan heikompiin häkissä ja syöntitilanteissa, ja jos parina on naaras, joutuu se väistymään ja syömään sen, minkä uros sille jättää (kts. taulukko 8, naaras-sukupuolen vaikutus ominaisuuksiin negatiivinen vrt. uroksen 0). Näin ollen rehunkulutuksen jakaminen tasan sekaparin kesken aliarvioi uroksen ja yliarvioi naaraan syömää rehumäärää. Tutkimuksessa sekapareja oli melkein puolet kaikista pareista (942 yksilöä).

6.6.2 RFI

Tässä tutkielmassa laskettiin samassa häkissä kasvaneille eläimille pituuden perusteella ennustettu rehutarve. Häkin yhteisen rehunkulutuksen perusteella laskettiin eläinten rehunkulutuksen poikkeama standardieläinten rehutarpeesta eli häkkiparin summa-RFI, jota selitettiin häkin molemmilla eläimillä. Periytymisasteiksi saatiin 0.43-0.48.

Siniketuilla on tutkittu rehuhyötysuhdetta ($FE = \text{päiväkasvu/päiväkohtainen kuivaainesyönti}$). FE:lle on saatu periytymisasteiksi 0.26 (± 0.05) (Kempe ym. 2008) ja 0.28 (± 0.06) (Kempe ym. 2010). Molemmissa tapauksissa FE oli määritetty rajoitetulta ajanjaksolta elo-lokakuussa.

Shirali ym. (2015) tutkivat minkeillä RFI:tä selittämällä sen vaihtelun häkkiparin molemmilla eläimillä ja saivat periytymisasteiksi uroksille 0.43-0.49 ja naaraille 0.39-0.46 eri ikäjaksoilta karvankasvukauden aikana. Karvankasvukaudeksi kutsutaan jaksoa, jolloin eläin on 147-210 vrk:n ikäinen (Shirali ym. 2015). Tämän tutkimuksen eläimet

olivat kasvukauden mielessä samassa vaiheessa ja näin ollen tulokset ovat vertailukelpoisia. Kyseessä on kuitenkin kaksi eri eläinlajia, minkki ja sinikettu.

Tässä tutkielmassa saatiin arvioitua summa-RFI:n ja eläinten kokoa kuvaavien ominaisuuksien välille korrelaatiot pelkästään jalostusarvoestimaattien perusteella.

Pituuden ja summa-RFI:n välillä oli 0.18-0.20:n korrelaatio. Kempe ym. (2010) olivat määrittäneet elo-lokakuu -jaksolta FE:n ja pituuden välille ei-merkitsevän -0.18 (± 0.21) geneettisen ja -0.07 fenotyyppisen korrelaation. Koska RFI on laskettu pituuden perusteella ja FE päiväkasvun, voidaan tulosten odottaakin eroavan toisistaan.

Päiväkasvun ja summa-RFI:n välillä oli korkea korrelaatio 0.60-0.63. Myös Kempe ym. (2010) saivat elo-lokakuu -jaksolta mitattujen FE:n ja päiväkasvun välille korkeahkon geneettisen (0.51 ± 0.17) ja fenotyyppisen (0.46) korrelaation.

Painoindeksin ja summa-RFI:n välillä oli myös korkea korrelaatio; 0.63. Kempe ym. (2010) saivat FE:n ja kuntoluokan välille melko matalan geneettisen (0.29 ± 0.20) ja fenotyyppisen (0.17) korrelaation.

7 JOHTOPÄÄTÖKSET

Turkistuotannon tavoitteena on isokokoisten ja hyvälaatuisten nahkojen tuottaminen mahdollisimman pienin kustannuksin. Kokonaiskustannusta voidaan pienentää vähentämällä rehukustannuksia. Nahan koon kannalta eläinten pituus on ratkaiseva. Rehunkäyttökykyä voidaan parantaa minimoimalla syöty rehumäärä pituusyksikköä kohden eli vähentämällä eläinten lihavuutta. Lihavuus on epäedullista myös eläinten hyvinvoinnille, sillä se aiheuttaa esimerkiksi jalkaongelmia ja sairauksia.

Tuotantotiloilla tehtävään tietojenkeruuseen sopivan lihavuutta kuvaavan parametrin eli painoindeksin kehittäminen onnistui. Indeksiksi voidaan ottaa käyttöön tuotannon työkaluksi, mutta sen käytön seurauksia täytyy tarkkailla.

Painoindeksillä havaittiin runsaasti geneettistä vaihtelua (periytymisaste 0.66-0.72). Se on positiivisesti geneettisesti korreloitunut päiväkasvun kanssa, kun taas painoindeksin ja pituuden välinen geneettinen korrelaation on nolla. Pituuden ja päiväkasvun välinen korrelaatio on positiivinen.

Rehunkäyttökykyä mitataan myös RFI:n avulla. RFI-mittojen ja painoindeksin välillä oli melko voimakas korrelaatio (0.60-0.63), samoin RFI:n ja päiväkasvun välillä. Toisin sanoen painoindeksi on hyvä indikaattori rehunkäyttökyvyn valintaan.

Tuotannon kehittämiseen sopiva taloudellinen valintaindeksi voisi koostua nahan pituudesta, painoindeksistä, turkin laadusta, jalkarakenteesta ja muista kestävyysominaisuuksista sekä emien pentuetuotoksesta. Painoindeksin käyttökelpoisuuden varmistamiseksi tarvitaan tutkimus painoindeksin ja ruhon rasvaisuuden yhteydestä sekä painoindeksin ja turkin laadun ja eläinten kestävyiden väliltä.

8 KIITOKSET

Haluan kiittää kotieläinten jalostustieteen professoria Asko Mäki-Tanilaa ohjauksesta, tukemisesta ja kärsivällisyydestä, vaikka välillä uusien asioiden äärellä jouduttiin kulkemaan yrityksen ja erehdyksen kautta ja itsellä oli joskus usko koetuksella. Haluan kiittää myös tutkimusjohtaja Jussi Peuraa uusista näkökulmista ja vinkeistä ja tutkija Riitta Kempeä avusta aineiston kanssa.

Kiitos myös Katrille, Tarulle ja Ainolle yhteisistä kursseista, joista aina selvittiin sekä graduvertaistuesta. Perhettäni ja Hannua haluan kiittää tuesta ja uskosta työn valmistumiseen.

LÄHTEET

- Benn, R. T. 1971. Some mathematical properties of weight-for-height indices used as measures of adiposity. *British Journal of Preventive and Social Medicine*, 25(1), 42-50. Retrieved from <http://www.jstor.org/stable/25565634>
- Carabús, A., Gispert, M., & Font-i-Furnols, M. 2016. Imaging technologies to study the composition of live pigs: A review. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 14(3)
- Gugolek, A., Lorek, M. O. & Zablocka, D. 2002. Studies on the relationship between the body weight, trunk length and pelt size in arctic foxes. *Czech Journal of Animal Science* 47 (8): 328-332.
- Hadfield, J. 2010. MCMC Methods for Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCglmm R Package. *Journal of Statistical Software* 33 (2)
- Hernesniemi, T. 2000. Ketun ravinnontarve ja rehut. Teoksessa: Hernesniemi, T. (toim.). *Ketunkasvatuksen taito* s.34-67.
- Hernesniemi, T. & Knutar, T. 2000. Kettujen hoito eri tuotantokausina. Teoksessa: Hernesniemi, T. (toim.). *Ketunkasvatuksen taito* s.68-105.
- Kempe, R., Koskinen, N., Mäntysaari, E. & Strandén, I. 2010. The genetics of body condition and leg weakness in the blue fox (*Alopex lagopus*). *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 60 (3): 141-150.
- Kempe, R., Koskinen, N., Peura, J., Koivula, M. & Strandén, I. 2009. Body condition scoring method for the blue fox (*Alopex lagopus*). *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 59: 85-92.
- Kempe, R., Strandén, I., Koivula, M., Rekilä, T., Koskinen, N. & Mäntysaari, E. 2008. Genetic parameters of feed efficiency and its relationships with feed intake, daily gain and animal size traits in Finnish blue fox (*Alopex lagopus*). *Scientifur* 32 (4): 47-52.
- Koivula, M., Mäntysaari, E. A. & Strandén, I. 2009. New fertility traits in breeding value evaluation of Finnish blue fox. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 59: 131-136.

- Lagerkvist, G., Johansson, K. & Lundeheim, N. 1994. Selection for litter size, body weight, and pelt quality in mink (*Mustela vison*): correlated responses. *Journal of Animal Science* 72 (5): 1126-1137.
- Nikula, S. 2000. Värimuunnosgenetiikka. Teoksessa: Hernesniemi, T. (toim.). *Ketunkasvatuksen taito* s.117-118.
- Peura, J., Kempe, R., Strandén, I. & Rydhmer, L. 2016. Risk-rated economic values should be used in blue fox breeding. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. DOI:10.1111/jbg.12232
- Peura, J., Strandén, I. & Mäntysaari, E. 2007. Genetic parameters for Finnish blue fox population: litter size, age at first insemination and pelt size. *Agricultural and Food Science* 16: 136-146.
- Peura, J., Strandén, I. & Mäntysaari, E. A. 2013. Profitable blue fox production: Economic values for finnish blue fox. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 63 (1): 2-9.
- Peura, J. 2013. *Optimization of the current breeding scheme for blue fox*. Helsingin yliopisto. Retrieved from URN:ISBN:978-952-10-8872-9; <http://hdl.handle.net/10138/40905>
- ProFur Suomen Turkiseläinten Kasvattajain Liitto ry. 2016. *Tilastot 2016* (https://profur.fi/sites/default/files/tilastot_2016.pdf)
- Shirali, M., Nielsen, V. H., Møller, S. H. & Jensen, J. 2015. Longitudinal analysis of residual feed intake and BW in mink using random regression with heterogeneous residual variance. *Animal* 9: 1597-1604.
- Strathe, A. V., Bruun, T. S., & Hansen, C. F. 2017. Sows with high milk production had both a high feed intake and high body mobilization. *Animal*, 11(11), 1913-1921. doi:10.1017/S1751731117000155
- Villemereuil, P. 2012 Estimation of biological trait heritability using the animal model. How to use the MCMCglmm R package. http://devillemereuil.legitux.org/wp-content/uploads/2012/12/tuto_en.pdf. Tulostettu 5.9.2017

Zachut, M., & Moallem, U. 2017. Consistent magnitude of postpartum body weight loss within cows across lactations and the relation to reproductive performance. *Journal of Dairy Science*, 100(4), 3143-3154. doi:10.3168/jds.2016-11750

LIITE A. Painoindeksin lausekkeen johtaminen

Painoindeksin tai suhteellisen painon ilmaisemisen kehittämisessä seurataan Benn'in (1971) artikkelia missä hän kertoo niiden indeksien matemaattisia ominaisuuksia, joilla ilmaistaan pituuden ja standardipainon välistä yhteyttä.

Lihavuusindeksin toivottuja ominaisuuksia ovat: suuri korrelaatio lihavuuden (suhteellisen painon) kanssa ja indeksin jakauman riippumattomuus pituudesta. Benn osoittaa, että molemmat seuraavat suoraan lihavuuden ilmaisemisesta suhteellisena painona, siis mitatun painon (W) suhteena pituudesta (L) ennustettuun standardipainoon (W_s). Lineaarisia menetelmiä voidaan käyttää muuttujien tulolle tai suhteelle, kun käytetään muuttujien logaritmeja.

Yleensä pituudesta ennustetut standardipainot ovat pituuden lineaarinen funktio. Lineaarisen yhteyden oletuksesta seuraa, että myös standardipainolla on likimääräisesti lineaarinen yhteys pituuden logaritmin kanssa. Tämä käy esille seuraavasta tarkastelusta.

Lähdetään liikkeelle standardipainon lausekkeesta

$$W_s(L) = W_0 + b (L - L_0)$$

missä L_0 on pituuden keskiarvo. Muutetaan esitys ilmaisemaan $\log L$:n avulla $\log W_s(L)$.

Jonkin funktion $f(x)$ arvoja voidaan approksimoida laskemalla jonkin pisteen x_0 läheisyydessä uusia funktion arvoja tässä pisteessä arvioitujen ensimmäisen derivaatan $\frac{\partial f}{\partial x}$ ja toisen derivaatan $\frac{\partial^2 f}{\partial x^2}$ jne. avulla (Taylorin sarja)

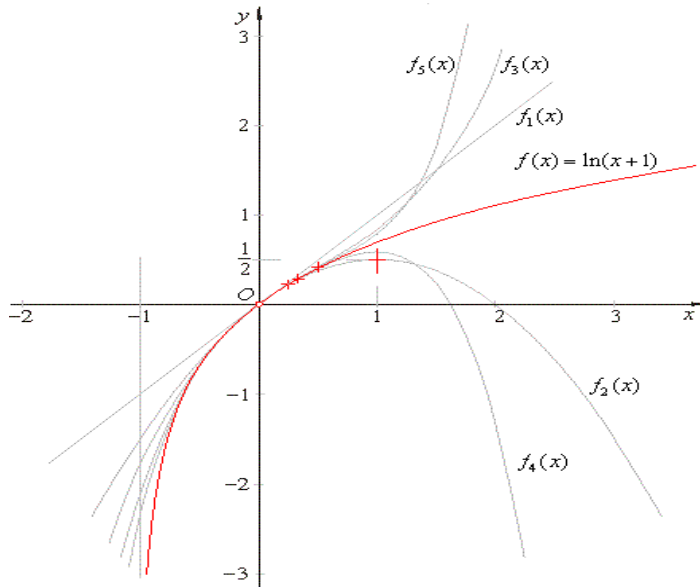
$$f(x) = f(x_0) + \frac{\partial f}{\partial x} \Big|_{x=x_0} (x - x_0) + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 f}{\partial x^2} \Big|_{x=x_0} (x - x_0)^2 + \dots$$

Tämän mukaan $\log W_s(L)$ voidaan approksimoida $\log L_0$:n läheisyydessä

$$\begin{aligned} \log W_s(L) \sim & \log W_s(L) \Big|_{\log L = \log L_0} + \frac{\partial \log W_s(L)}{\partial \log L} \Big|_{\log L = \log L_0} (\log L - \log L_0) + \\ & + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 \log W_s(L)}{\partial \log L^2} \Big|_{\log L = \log L_0} (\log L - \log L_0)^2 + \dots \end{aligned}$$

missä $\log W_s(L) |_{\log L = \log L_0} = \log[W_0 + b(L - L_0)] |_{\log L = \log L_0} = \log W_0$

koska $\log L = \log L_0 \rightarrow L = L_0$



Kuva A.1 Havainnollistus logaritmifunktion $\log(x+1)$ (merk $\ln(x+1)$) likiarvon laskemisesta ensimmäisen (merk. f_1), toisen (f_2), jne derivaatan avulla.

$$\begin{aligned} \frac{\partial \log W_s(L)}{\partial \log L} |_{\log L = \log L_0} &= \frac{\partial \log W_s(L)}{\partial L} \frac{\partial L}{\partial \log L} |_{\log L = \log L_0} = \frac{1}{W_s(L)} \frac{\partial W_s(L)}{\partial L} \frac{\partial L}{\partial \log L} |_{\log L = \log L_0} \\ &= \frac{1}{W_s(L)} b \frac{1}{\frac{1}{L}} |_{\log L = \log L_0} = \frac{1}{W_0} b \frac{1}{\frac{1}{L_0}} = b \frac{L_0}{W_0} \end{aligned}$$

Tulokset yhdistettynä ensimmäisen derivaatan termi on

$$\frac{\partial \log W_s(L)}{\partial \log L} |_{\log L = \log L_0} (\log L - \log L_0) = \log \frac{L^p}{L_0^p} \quad \text{missä } p = b \frac{L_0}{W_0}$$

Kertaluokkaa $(\log L - \log L_0)^2$ olevat termit on jätetty pois koska ne eivät vaikuta $W_s(L)$:n arvoon prosenttia enempää (Benn 1971).

Palaamalla logaritmeista alkuperäiseen asteikkoon saadaan $W_s(L) \sim L^p \frac{W_0}{L_0^p}$

Kun käytetään tätä approksimaatiota standardipainolle suhteellisen painon muodostamisessa, saadaan indeksi, joka kerrotaan vakiolla (joka samalla tekee indeksistä riippumattoman mittayksiköistä)

$$\frac{W}{W_s(L)} = \frac{W}{L^p} \frac{L_0^p}{W_0}$$